

18/5/5
DIALOG(R) File 351:Derwent WPI
(c) 2001 Derwent Info Ltd. All rts. reserv.

009832032

WPI Acc No: 1994-111888/199414

Related WPI Acc No: 1992-351464

XRAM Acc No: C94-051516

XRPX Acc No: N94-087601

Expression of human protein disulphide isomerase gene - used to prepare polypeptide in high yield

Patent Assignee: TONEN CORP (TOFU)

Number of Countries: 001 Number of Patents: 001

Patent Family:

Patent No	Kind	Date	Applicat No	Kind	Date	Week
JP 6038771	A	19940215	JP 91114074	A	19910418	199414 B

Priority Applications (No Type Date): JP 90295017 A 19901031

Patent Details:

Patent No	Kind	Lan Pg	Main IPC	Filing Notes
JP 6038771	A	30	C12N-015/61	

Abstract (Basic): JP 6038771 A

A linked gene for the expression of human protein disulphide isomerase (hPDI) consists of a DNA coding human serum albumin prepro-sequence and hPDI gene.

A replicable expression vector which can express the above linked gene in a host, a transformant prepd. by transforming a host by the above expression vector, the prepn. of a recombinant hPDI in which the above linked gene is expressed in the above transformant, a recombinant hPDI prepd. by the above method, a transformant contg. the linked gene and an exotic gene coding a polypeptide controlling the production are also claimed.

The prepn. of a polypeptide uses the hPDI gene and the exotic gene coding the polypeptide aiming the production are co-expressed in the above transformant, and the polypeptide is recovered.

Dwg.0/8

Title Terms: EXPRESS; HUMAN; PROTEIN; DI; SULPHIDE; ISOMERASE; GENE; PREPARATION; POLYPEPTIDE; HIGH; YIELD

Derwent Class: B04; D16; S03

International Patent Class (Main): C12N-015/61

International Patent Class (Additional): C07K-003/20; C12N-001/19; C12N-009/90

File Segment: CPI; EPI

50

(19) 日本国特許庁 (J P)

(12) 公開特許公報 (A)

(11) 特許出願公開番号

特開平6-38771

(43) 公開日 平成6年(1994)2月15日

(51) Int.Cl. ⁵	識別記号	庁内整理番号	F I	技術表示箇所
C 1 2 N 15/61	Z N A			
C 0 7 K 3/20		8517-4H		
C 1 2 N 1/19		7236-4B		
9/90		9161-4B		
		8931-4B		
		C 1 2 N 15/00	Z N A A	

審査請求 未請求 請求項の数15(全 30 頁) 最終頁に続く

(21) 出願番号	特願平3-114074	(71) 出願人	390022998 東燃株式会社 東京都千代田区一ツ橋1丁目1番1号
(22) 出願日	平成3年(1991)4月18日	(72) 発明者	早野 俊哉 埼玉県入間郡大井町西鶴ヶ岡一丁目3番1号 東燃株式会社総合研究所内
(31) 優先権主張番号	特願平2-295017	(72) 発明者	加藤 世都子 埼玉県入間郡大井町西鶴ヶ岡一丁目3番1号 東燃株式会社総合研究所内
(32) 優先日	平2(1990)10月31日	(72) 発明者	高橋 信弘 埼玉県入間郡大井町西鶴ヶ岡一丁目3番1号 東燃株式会社総合研究所内
(33) 優先権主張国	日本 (J P)	(74) 代理人	弁理士 久保田 耕平 (外3名) 最終頁に続く

(54) 【発明の名称】 ヒトプロテインジスルフィドイソメラーゼ遺伝子の発現方法および該遺伝子との共発現によるポリペプチドの製造方法

(57) 【要約】

【目的】 プロテインジスルフィドイソメラーゼ (PDI) 遺伝子の発現、及び該遺伝子と有用ポリペプチドをコードする外来遺伝子との共発現を提供する。

【構成】 この発明は、ヒト血清アルブミンプロブレロ配列をコードするDNAとヒトPDI遺伝子とから成る新規の連結遺伝子を発現ベクターに組み込み、宿主細胞を形質転換させ、発現させることによるPDIの製造方法、並びに、共発現可能な該連結遺伝子と有用ポリペプチドをコードする外来遺伝子とを含む形質転換体を共発現させることによる該ポリペプチドの製造方法を特徴とする。

【効果】 ヒトPDIの大量生産法が確立され、及び同一細胞内でのヒトPDI遺伝子との共発現により有用ポリペプチドの産生効率の向上が可能となった。

1

【特許請求の範囲】

【請求項1】 ヒトプロテインジスルフィドイソメラーゼ発現用の、ヒト血清アルブミンプレプロ配列をコードするDNAとヒトプロテインジスルフィドイソメラーゼ遺伝子とから成る連結遺伝子。

【請求項2】 配列番号2に示される-24番目～+491番目のアミノ酸配列をコードする塩基配列から成る、ヒトプロテインジスルフィドイソメラーゼ発現用の、ヒト血清アルブミンプレプロ配列をコードするDNAとヒトプロテインジスルフィドイソメラーゼ遺伝子とから成る連結遺伝子。

【請求項3】 前記塩基配列が配列番号2に示される1番目～1545番目の配列から成ることを特徴とする請求項2記載の連結遺伝子。

【請求項4】 請求項1～3のいずれか一項に記載の連結遺伝子を宿主内で発現させ得る複製可能な発現ベクター。

【請求項5】 請求項4記載の発現ベクターで宿主を形質転換して得られる形質転換体。

【請求項6】 宿主が酵母である請求項5記載の形質転換体。

【請求項7】 請求項1～3のいずれか一項に記載の連結遺伝子を請求項5又は6記載の形質転換体内で発現させることを特徴とする組換えヒトプロテインジスルフィドイソメラーゼの製造方法。

【請求項8】 請求項1～3のいずれか一項に記載の連結遺伝子を宿主内で発現させ得る複製可能な発現ベクターを構築し、

宿主を前記発現ベクターで形質転換して形質転換体を得、

前記連結遺伝子を発現させ得る条件下で、前記形質転換体を培養して組換えヒトプロテインジスルフィドイソメラーゼを分泌させ、

前記組換えヒトプロテインジスルフィドイソメラーゼを回収する、ことを特徴とする請求項7記載の方法。

【請求項9】 分泌された前記組換えヒトプロテインジスルフィドイソメラーゼを、疎水性カラムクロマトグラフィーによって分離回収することを特徴とする請求項8記載の方法。

【請求項10】 請求項7～9のいずれか一項に記載の方法によって得られる、配列番号3に示される1番目～491番目のアミノ酸配列から成る組換えヒトプロテインジスルフィドイソメラーゼ。

【請求項11】 共発現可能な請求項1～3のいずれか一項に記載の連結遺伝子と生産を目的とするポリペプチドをコードする外来遺伝子とを含む形質転換体。

【請求項12】 形質転換体が形質転換酵母である請求項11記載の形質転換体。

【請求項13】 外来遺伝子がヒト血清アルブミンをコードする遺伝子である請求項11記載の形質転換体。

2

【請求項14】 請求項11～13のいずれか一項に記載の形質転換体内で、ヒトプロテインジスルフィドイソメラーゼ遺伝子と生産を目的とするポリペプチドをコードする外来遺伝子とを共発現させて該ポリペプチドを生産させ、及び該ポリペプチドを回収することを特徴とするポリペプチドの製造方法。

【請求項15】 ポリペプチドがヒト血清アルブミンである請求項14記載の方法。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【産業上の利用分野】 本発明は、ポリペプチド中のジスルフィド結合の交換反応を触媒することによりポリペプチドの高次構造形成を促進する酵素プロテインジスルフィドイソメラーゼをコードする遺伝子の発現に関する。さらに本発明は、該遺伝子と有用ポリペプチドをコードする外来遺伝子との共発現に関する。

【0002】

【従来の技術】 *in vitro* での変性蛋白質の再構成(Refolding) 実験の結果より、ポリペプチドのフォールディング速度を律速する反応として、ジスルフィド結合の異性化とプロリンペプチドの異性化反応があることが知られ(Freedman, *Cell* 57, 1069-1072, 1989; Fisher & Schmid, *Biochemistry* 29, 2205-2212, 1990)、フォールディング反応におけるこれらの遅い反応を触媒する酵素として、後者には、ペプチジルプロリルシストランソイソメラーゼ(PPI)が、前者にはプロテインジスルフィドイソメラーゼ(PDI)とチオレドキシンなどが見い出されている。*In vitro* の実験では、これらの酵素が、変性蛋白質の再構成の速度を促進することが示され、遺伝子工学的に生産された不活性蛋白質の*in vitro* での再構成への利用が考えられている(Schein, *Bio/Technology* 7, 1141-1148, 1989; 鶴高重三、日本農芸化学会誌 64, 1035-1038, 1990)。

【0003】 PDIは、可溶性で、哺乳類の肝臓から比較的容易に単離され、その触媒としての性質が詳細に調べられている。PDIは、チオール/ジスルフィド結合の交換反応を触媒し、蛋白質基質のジスルフィド結合の形成・異性化・あるいは還元を行うことができる(Freedman, *Cell* 57, 1069-1072, 1989)。PDIは*In vitro* ではRNaseなどの単一ドメインからなる蛋白質や、血清アルブミンなどの多重ドメインからなる蛋白質などの分子内でのジスルフィド結合の形成や交換反応を促進したり、又は免疫グロブリンやプロコラーゲンなどのようなサブユニット構造を持つ蛋白質の分子間でのジスルフィド結合の形成などの反応を促進することが知られている(Freedman, *Nature* 329, 196, 1987)。

【0004】 哺乳類由来のPDIは、通常分子量約5万7千からなるポリペプチドのホモダイマーとして存在し、きわめて酸性度の高いpI値(pI 4.2～4.3)を持っている。

3

【0005】ラットの肝臓由来のPDIについて、その遺伝子が単離され、その遺伝子の塩基配列よりPDIのアミノ酸配列が推定され、PDIが2種類の相同性単位からなる分子内重複構造を持つことが示されている。2種の相同性単位のうち一種については、チオレドキシンのアミノ酸配列と相同性があることが見い出され、類似の活性部位アミノ酸配列を持つと考えられている (Edman et al., *Nature* 317, 267-270, 1985)。チオレドキシンは、*in vivo*でインシュリンのジスルフィド結合を還元したり、RNase のジスルフィド結合の交換反応を促進することができ、*in vivo*での蛋白質のフォールディング過程でPDIと同様の働きをすることが示唆されている (Pigiet & Schuster, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 83, 7643-7647, 1986)。

【0006】PDIの生体内での存在量は、組織の種類や細胞の分化段階の違いによって異なるが、このことと、分泌するある特定の蛋白質の存在との間に相関性があること、そして、蛋白質の分泌の際に通過することが知られている小胞体内部にPDIが豊富に局在化していることなどから、細胞内においてもPDIが、新しく合成される分泌蛋白質のジスルフィド結合の形成に関与していると推定されている。このことは、無細胞蛋白質合成系を用い、モデル系としてγグリアジンの生合成を行い、この時、PDIを洗い流した小胞体分画だけではγグリアジンの翻訳に共役したジスルフィド結合の形成はほとんど起らないが、PDIを加えると、ジスルフィド結合の形成能が回復するという結果によって支持されている (Bulleid & Freedman, *Nature*, 335 649-651, 1988)。

【0007】PDIについては、ジスルフィド結合の形成への関与以外に、蛋白質の翻訳後の他の修飾反応にも関わっている証拠が得られている。例えば、PDIは、プロコラーゲンのプロリン残基を水酸化するプロリル4-ハイドロキシラーゼの触媒ユニットであるβサブユニットや、合成蛋白質のN-グリコシル化の過程で、糖鎖を付加されるペプチドのシグナル配列 Asn-X-Ser/Thr を認識するグリコシル化部位結合蛋白質 (Pihlajaniemi et al., *EMBO J.* 6, 643-649 1987; Geetha-Habib et al., *Cell* 54, 1053-1060 1988)、さらにまた、甲状腺ホルモン結合蛋白質 (triiodo-L-thyronine binding protein) (Cheng et al., *J. Biol. Chem.* 262, 11221-11227, 1987) などとの同一性が示され、PDI分子の蛋白質の修飾反応における多機能性が示唆されている。これらの事実に加え、PDI分子とは異なる分子種であるが、アミノ酸配列上において相同性がある分子種も見い出されている。それらの例としてはPDIの活性部位と考えられているアミノ酸配列と相同性がある配列を持ち、ジスルフィド結合の異性化を触媒することが見い出されたフォリトロピン (Follitropin) やルトロピン (Lutropin) などの性腺刺激ホルモンや (Boniface & Reiche

4

rt et al., *Science* 247, 61-64, 1990)、ホスファチジルイノシトール4,5-ビスホスフェイトを1,2-ジアシルグリセロールとイノシトール1,4,5-トリホスフェイトに加水分解する酵素でありその分子内にPDIと相同性を持つ領域が存在するホスホリパーゼCなども知られる (Bennett et al., *Nature* 334, 268-270, 1988)、PDIやPDI様分子の細胞内外でのきわめて広範な生命現象への関りが考えられている。

【0008】以上のように広範な働きが示唆されているが、PDIの主な効果は分子内及び分子間のジスルフィド結合の異性化を触媒し、天然の高次構造を持った蛋白質 (及び集合体) を生じさせることと考えられている。しかししばしば、ほとんど化学量論的な量のPDIが最適な反応速度を実現するために必要とされる。従って、ジスルフィドイソメラーゼ活性が低い場合には、蛋白質分子内及び分子間でのジスルフィド異性化速度が低く、従って適切なジスルフィド結合を有する蛋白質の形成の効率が低いことが予想される。種々の真核生物由来の蛋白質 (特に分泌蛋白質類) が、大腸菌内で不溶化分子集合体を形成する原因の1つがこのジスルフィドイソメラーゼ活性の低さにあると考えることも可能である。大腸菌では、ジスルフィド還元酵素としてチオレドキシンを含むが、チオレドキシンはジスルフィド還元酵素としてはPDIよりも強力であるが、イソメラーゼとしての効率はよくない。一方、分子内ジスルフィド結合は、分泌蛋白質に高頻度に見られることから、分泌能の高い細胞あるいは組織においてジスルフィド異性化を介したジスルフィド結合活性が高いことが予想されるが、実際にラットの種々の組織の相対的なPDI mRNA含量の比較 (肝臓>脾臓、腎臓>肺>精巣、脾臓>心臓>脳の順) からこのことが強く示唆されている (Edman et al., *Nature* 314, 267-270, 1985)。

【0009】また、還元された状態の環境が蛋白質合成の場として与えられた場合には、適切なフォールディングのために必要とされるジスルフィド結合の形成は阻害されるであろう。このような環境は、例えば、コンパートメントがないような原核生物の細胞内で生じる。このような点を考えると、原核生物細胞と真核生物細胞では、ジスルフィド結合形成に関わる因子とそれを可能にさせる環境とが異なるのかもしれない。組換えDNA技術を用いて、有用な蛋白質 (その多くは分泌性の蛋白質である) を産生させようとするとき、その蛋白質に適した条件でジスルフィド結合の形成をおこなわせる必要がある。そのためには、宿主細胞内の環境 (適切なコンパートメント) が実現しなければならないであろうし、その環境 (コンパートメント) に親和性の高いジスルフィド形成 (ジスルフィド異性化) 酵素が多量に存在しなければならないであろう。

【0010】これら二つの点は組換えDNA技術を用いて、ジスルフィド結合を有する蛋白質を効率よく産生さ

5

せる際に最も注意しなければならない点と考えられる。

【0011】しかしながら、いままで *in vivo* の系でプロテインジスルフィドイソメラーゼを適切なコンパートメントで多量にそして、目的とする有用蛋白質と共存させつつそれに働かせる系は存在していない。

【0012】

【発明が解決しようとする問題点】 *in vitro* の変性蛋白質の再構成への利用又は、細胞内での分泌蛋白質の産生率向上への利用等が考えられているにもかかわらず、該酵素の入手は臓器からの直接的精製に限られていた。各種細胞での他種由来のPDIの発現はいまだなされておらず、遺伝子工学的に産生する手段、他の有用ポリペプチドの遺伝子と共役させることによってその産生効率を上げる手段等は確立されていなかった。

【0013】本発明は、ヒトPDI発現用のヒト血清アルブミンプレプロ配列をコードするDNAとヒトPDI遺伝子とから成る連結遺伝子、該連結遺伝子を宿主内で発現させ得る発現ベクター、該ベクターで宿主が形質転換された形質転換体内で該連結遺伝子を発現させることによる組換えヒトPDIの製造方法及び組換えPDIを提供することを目的とする。

【0014】さらにまた、本発明は、共発現可能な該連結遺伝子と生産を目的とするポリペプチドをコードする外来遺伝子とを含む形質転換体、及び該形質転換体内でヒトPDI及び該外来遺伝子を共発現させることによる該ポリペプチドの製造方法を提供することを目的とする。

【0015】

【問題点を解決するための手段】本発明者らは、上記目的を達成するために鋭意研究した結果、ヒト血清アルブミンプレプロ配列をコードするDNAとヒトプロテインジスルフィドイソメラーゼ遺伝子とを連結した遺伝子を作製し、これを組み込んだ発現用ベクターを見出したことにより本発明を完成させた。

【0016】以下に本発明の詳細を説明する。

【0017】ヒトプロテインジスルフィドイソメラーゼ (protein disulphide isomerase; 「PDI」と略称する) cDNAをコードするクローンは、ヒト肝臓 λ gt11 cDNAライブラリー及びヒト胎盤 λ gt11 cDNAライブラリー (Clontech社) から次のようにして分離される。

【0018】ヒト肝臓及びヒト胎盤 λ gt11 cDNAライブラリーを大腸菌にファージ感染させ、増殖させ、ファージDNAをフィルターに固定する。一方、ヒトプロリン 4-水酸化酵素 (PDIと同一タンパク質) cDNA [Pihlajaniemi, T. ら (1987) EMBO J. 6, 643] の 243 番目から 282番目の塩基配列の相補鎖に対応する40 merの合成オリゴマーDNAをプローブとするハイブリダイゼーションにより陽性クローンをスクリーニングし、そのファージDNAをEcoRI消化し、得られた約150 bpの

6

インサートDNAをPDI cDNAスクリーニング用プローブとする。このプローブを用いて、フィルターに固定された上記ファージDNAをスクリーニングして、陽性クローンを分離する。

【0019】このようにして得られた複数の陽性クローンをEcoRI消化してEcoRI インサートDNA断片を得て、各クローンのインサートについて制限酵素地図を作成し、Pihlajaniemiらによる制限酵素地図と比較した結果、肝臓由来のクローン (pEPDI16) と胎盤由来のクローン (pEPDIp4) とでヒトPDI cDNAの全長をカバーしていることが推測された。

【0020】両クローンのDNA塩基配列を決定した結果、これらのクローンが配列番号1に示される全長2454塩基対から成るヒトPDI cDNAをコードしていることが判明した。また、その塩基配列から推定されたアミノ酸配列は配列番号1に示すとおりであった。配列中、成熟タンパク質は Asp¹ から Leu⁴⁹¹ の 491個のアミノ酸から構成されていると考えられ、Asp¹ に先行する17個のアミノ酸から成るペプチドはシグナルペプチドを表わしていると考えられる。

【0021】本発明は、PDIを発現・産生させるための、ヒト血清アルブミン遺伝子プレプロ配列をコードするDNAと前記ヒトPDI遺伝子とから成る連結遺伝子を提供する。

【0022】該連結遺伝子は、例えば第1図Cに示すように、通常PDI遺伝子の upstream に該プレプロ配列をコードするDNAを配置させることによって作製され得る。但し、ヒトPDIを適切なコンパートメント (小胞体と考えられている) に輸送するためのリーダー配列としてはヒト血清アルブミンのプレプロ配列に限定する必要はなく、他のシグナル配列やプレプロ配列であってもよい。

【0023】具体的には、前記クローン pEPDI16及び pEPDIp4 DNAを、夫々EcoRI/PstI、PstI/BamHIで消化し、約490bp 及び約1.3kbpのDNA断片を得、両断片をEcoRI/BamHI 消化プラスミドベクターpUC119に連結し (phPDI16B)、Kunkel法 [Kunkel, T.A. (1985) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 82, 488] により cDNA上のPDIシグナル配列とPDI本体との境界部分に制限酵素NaeI切断部位を導入し (phPDI16NaeI)、NaeI/Hind III 消化によりPDIシグナル配列を含まない約1.7kb のPDI DNA 断片を得る。

【0024】

一方、pUC119をEcoRI消化し、これにXhoIリンカー：
5'-AATTCTCGAG
GAGCTCTTAA-5'
を連結し、XhoI/BamHI消化し、これにヒト血清アルブミン (以下「HSA」と略称する) プレプロ配列を連結し (pUC 119 Sig)、StuI/Hind III 消化し3.2kb のDNA断片を得る (HSAプレプロ配列の合成法は後述の実施

例に示される)。

【0025】phPDINae由来の1.7kb DNA 断片とpUC 119 Sig 由来の3.2kb DNA 断片を連結し(phPDILy1)、EcoRI 消化、Klenow断片による平滑化、BamHI 消化を順次行つてHSAプレプロ配列下流にヒトPDI本体を接続した(第2図)、リーダー配列改変型の連結遺伝子を得ることができる。

【0026】本発明の連結遺伝子の作製方法及びその構成遺伝子間の配置は、上述の方法に限定されるものではなく、PDIを発現させ得る能力を有するものは全て包 10 含される。また、該連結遺伝子の類似体は本発明の範囲外であるが、ヒト以外の他の動物由来の対応遺伝子から容易に作製され得ることは自明であろう。

【0027】本発明はまた、配列番号2に示される-24番目~+491番目のアミノ酸配列をコードする塩基配列から成る該連結遺伝子を提供する。この場合、この塩基配列と実質的に同様の作用を示す遺伝子、例えば遺 20 伝子コードの縮重に基づく該塩基配列の誘導体は全て本発明に包含される。例えば、本発明の実施態様により、本発明は配列番号2に示される全塩基配列からなる該連結遺伝子を提供する。

【0028】本発明はさらに、本発明連結遺伝子を宿主内で発現させ得る複製可能な発現ベクターを提供する。

【0029】本発明連結遺伝子を組み込むためのベクターは、宿主内で発現可能であり且つ複製能を有するものである。一般的には、宿主細胞と適合し得る種から誘導されたレプリコン及び制御配列を含むベクターが、宿主と関連して使用される。ベクターは、通常、形質転換された細胞中での表現型選択を可能にするマーカー配列と複製部位とを保有している。

【0030】本発明の発現ベクターを構築するためのベクターとしては、例えば本出願人による特開平2-117384号公報に開示のプラスミド pJDB-ADH-HSA-A (第1図-C参照) が使用される。このプラスミドはHSA cDNAを含み、また酵母アルコールデヒドロゲナーゼI (ADHI) プロモーター、ADHターミネーター、アンピシリン耐性遺伝子(Amp^r)、及びLeu2遺伝子を含んでいる。そのため、このプラスミドを、XhoI消化し、Klenow断片により平滑し、BamHI 消化してHSA cDNAを除去する。得られた約8kb DNA 断片の5' 端を脱リン酸化した後、前述の本発明連結遺伝子を連結することにより、発現プラスミド(pAHHPDILy1)を得ることができる。もちろん、本発明の連結遺伝子が発現させ得る同等の機能を果すことができる別の種類のベクターを使用することもできる。

【0031】本発明はさらに、本発明の発現ベクターで宿主を形質転換して得られる形質転換体を提供する。

【0032】宿主としては、大腸菌、枯草菌などの原核細胞、及び酵母が挙げられ、特にプロセッシングを介して成熟型PDIを分泌し得る宿主が好ましい。好適な宿主は酵母である。宿主酵母としては、*Saccharomyces ce* 50

*revisiae*等が挙げられ、本発明の形質転換体の作製にあたっては特に酵母AH22株が好適に使用される。本発明の範囲外であるが、酵母以外の真核細胞(例えば、動物細胞)も宿主として使用し得ることは自明であろう。宿主細胞への発現ベクターの移入は慣用的方法で実施され、例えば、塩化カルシウム処理法、プロトプラスト(又はスフェロプラスト)-ポリエチレングリコール法、電気穿孔法などにより容易に実施され得る。目的の形質転換体は、発現ベクターがpAHHPDILy1の場合、得られた菌体をSD(-Leu)プレート上で培養することによってスクリーニングし、取得される。

【0033】従って、本発明はまた、上述のようにして作製した形質転換体内で本発明の連結遺伝子が発現させることによる組換えヒトPDIの製造方法を提供する。本発明の実施態様によれば、本発明の製造方法は以下に示す段階を含む。

【0034】即ち、本発明連結遺伝子を宿主内で発現させ得る複製可能な発現ベクターを構築する段階と、宿主を前記発現ベクターで形質転換して形質転換体を得る段階と、前記連結遺伝子が発現させ得る条件下で、前記形質転換体を培養して組換えヒトPDIを分泌させる段階と、前記組換えPDIを回収する段階と、を包含する。

【0035】宿主として酵母を用いる場合には、ヒトPDI前駆体タンパク質がプロセッシングを受けて、組換えヒトPDIが遺伝子産物として分泌される。もし宿主として酵母以外の例えば大腸菌、枯草菌等の微生物が用いられる場合には、プロセッシングを受けていないヒトPDI前駆体タンパク質が得られるだろう。

【0036】遠心分離により細胞と培養培地とを分離し、必要に応じて細胞を破碎し、次に例えば限外濾過により濃縮した濃縮液を疎水性カラムクロマトグラフィーに掛けることにより組換えヒトPDIを容易に精製分離することができる。このクロマトグラフィーに使用し得る疎水性カラムは特定のものに限定されるものではないが、例えばTSK-gel Phenyl-5PW疎水性カラム(東ソー製)が使用され得、この場合組換えヒトPDIはKCI含有ホウ酸緩衝液(pH 8.0)中0.85Mから0M硫酸アンモニウムへの直線的濃度勾配により溶出され得る(第4図)。SDS電気泳動分析(第5図)から組換えヒトPDIは、約55kDaの分子量を有し、またスクランプドリボヌクレアーゼAの再構成の程度を指標として定量することにより、得られた組換えヒトPDIはPDI活性をもつことも確認された(後述の実施例参照)。

【0037】本発明方法によって産生される組換えヒトPDIは、天然型のヒトPDIと比較してN末端アミノ酸がAspからGlyに改変されたものであった。従って、本発明は491個のアミノ酸から成る配列番号3に示されるGly¹ Leu⁴⁹¹のアミノ酸配列から構成される組換えヒトPDIをも提供する。

【0038】本発明はさらに、共発現可能な、ヒトPD

I 遺伝子とヒト血清アルブミンプレプロ配列をコードするDNAとから成る連結遺伝子と、生産を目的とするポリペプチドをコードする外来遺伝子とを含む形質転換体を提供する。

【0039】形質転換体中の該連結遺伝子と該外来遺伝子は、互いに共発現可能な状態であれば、同一ゲノム上にあってもよく、又は異なるゲノム上にあってもよい。宿主細胞の形質転換は、例えば、該連結遺伝子及び該外来遺伝子を同一の又は異なるベクター内に組み込み、得られたベクターを塩化カルシウム処理法、プロトプラス

ト（又はスフェロプラスト）-ポリエチレングリコール法、電気穿孔法などの慣用的方法で宿主内に移入することによって実施され得る。

【0040】該外来遺伝子によってコードされるポリペプチドは、増幅発現されたPDIの触媒作用（即ちポリペプチド中のジスルフィド結合の形成、交換反応等を促進する）が直接的に発揮されるために、その構造中にジスルフィド結合を含むものであれば如何なる種類のポリペプチドであってもよい。さらに、本発明は、増幅発現されたPDI活性の効果が遺伝子発現、ポリペプチドのフォールディング、輸送等に関与する蛋白質に対して発揮され、それにより間接的に生産性が増大するような場合にも適用される。本発明の実施態様により、本発明はまた該外来遺伝子としてヒト血清アルブミン（HSA）をコードする遺伝子を提供する。

【0041】本明細書中、「ポリペプチド」なる用語は、短鎖及び長鎖ペプチド並びに蛋白質を含むことを意味する。

【0042】また宿主としては、大腸菌、枯草菌などの原核細胞、酵母、動物細胞などの真核細胞が挙げられる。特に、翻訳後修飾やプロセッシングを介して成熟ポリペプチドを分泌し得る宿主、例えば真核細胞が好ましく、特に酵母が好ましい。

【0043】本発明はさらに、上記形質転換体内で、ヒトPDI遺伝子と他のポリペプチドをコードする外来遺伝子とを共発現させて該ポリペプチドを産生させ、及び該ポリペプチドを回収することから成るポリペプチドの製造方法を提供する。

【0044】本発明の実施態様により、ヒトPDI発現プラスミドを用いてHSA生産酵母を形質転換して得られた酵母内でHSA及びPDIを任意の培地中で共発現させた場合には、単独に発現させた場合と比べて、HSAの分泌量は平均で約60%増加した（第8図）。

【0045】理論に拘束されるつもりはないが、共発現によるHSA分泌量の増加に関しては以下のように考えられる。

【0046】HSAは、17個のジスルフィド結合を持つ蛋白質であり、かつ、*in vitro*での変性蛋白質からの再構成実験において化学量論的量のPDIの存在により、その高次構造形成が促進されることが知られてい

る。

【0047】酵母HIS23株によって、HSAは可溶性分子として分泌されるが、同菌体の細胞内にもHSA分子が検出されている。SDS電気泳動法により、細胞内のHSAを分析すると、還元剤存在下ではゲル上で単一バンドとして正常なHSA分子と同一の挙動を示すのに対し、還元剤非存在下では、より分子量の大きい不連続なバンド群として検出され、明らかに正常なHSAとは異なる挙動を示す。これらの結果は、細胞内に存在するHSA分子は、分子内ジスルフィド結合が不完全に形成されているため生じると推定される。一方、PDIを共発現させた細胞では、細胞内のHSAの還元剤非存在下でのSDS電気泳動では、HSA分子は外来のPDI cDNAを共発現させていない酵母菌から得た細胞内HSA試料と比較してよりまとまったバンドとして検出されることから、PDIはHSA分子内の正常なジスルフィド結合の形成を促進し、より効率的にHSA分子の高次構造形成を補助していると推定される。このことによって、例えば、不安定な構造を持つHSAの細胞内での会合や、プロテアーゼによる分解がより少なくなるために分泌量が増加していると思われる。

【0048】また、PDIを共発現させた場合とさせない場合でのHIS23株細胞内のHSAのmRNA存在量をNorthernプロット法により比較すると、PDI遺伝子を発現させた場合にHSAのmRNA量が増加している。このことは、PDIが直接HSA分子に作用している可能性だけでなく、HSA遺伝子の転写レベルにも影響を与えている可能性をも示唆している。しかし、小胞体への膜移行過程を介する細胞内輸送に働くヒト血清アルブミンのリーダー配列の融合によってヒトPDIが多量に酵母菌から分泌されたこととHSAの分泌量が増加したことが相関していることから、PDIは、小胞体においてHSAと共存し、直接HSAに作用したことがHSAの産生レベルを上昇させた主要因であると考えたほうがより単純であるようにみえる。さらに、HIS23株より分泌されたHSAとPDIの量をみると、PDIはHSAの数倍分泌されており、さらに細胞内に検出されるヒトPDIレベルも高いことから、変性HSAの*in vitro*での再構成において促進効果を示すのに必要とされるPDI量が十分に該酵母菌小胞体内でも確保されているものと推定される。このこともまた、PDIがHSAに直接作用していることを支持しているようにみえる。

【0049】このように、HSAの例でPDIの共発現によってその分泌量の増加効果が得られ、その効果がPDIが直接HSAの高次構造形成に働いている可能性が高いことから、より一般的に、ジスルフィド結合の形成が、高次構造の形成や安定化に寄与している分泌蛋白質全般についても同一細胞内でPDIを高度に増幅発現させることにより同様の分泌量の増加効果が期待できると

考えられる。

【0050】以下の実施例により、さらに本発明を説明するが、本発明はこれらの実施例に限定されるものではない。

【0051】

【実施例】

ヒトPDI (protein disulphide isomerase)cDNAのクローニング

ヒト肝臓入gt11cDNAライブラリー (Clontech社) 約100,000 クローンを 0.2%のマルトースを含むLB培地 (1%バクトトリプトン、1% NaClおよび 0.5%イーストエキストラクト) で37℃一晩培養した大腸菌Y1090株培養液 500μl と混合し、これに 1M MgCl₂ 5μl を加え37℃で10分間加温することによりファージを大腸菌に感染させた。これを50mlのLB上層寒天培地 (LB培地、10mM MgCl₂ および 0.7%アガロース) に加え混合後、23cm×23cmプレート中のLB寒天培地上にまいた。上層寒天培地を固めた後、37℃で一晩培養しファージを増殖させた。得られたファージをフィルター (Hybond-N, Amersham社) に移し、アルカリ溶液 (0.5N NaOH および0.15M NaCl) に浸した3MM 濾紙 (Whatman 社) 上に、ファージの付着面を上に向けて1分間置き、続いて中和溶液 [1M Tris-HCl (pH7.5) および1.5M NaCl] に浸した同濾紙上に1分間置いた。さらにフィルターを 2×SSC 溶液 (20×SSC = 3M NaCl および 0.3Mクエン酸三ナトリウム) で洗浄、風乾後、UV照射を2分間行うことによりファージDNAをフィルターに固定した。こうして得られたフィルターを用いて以下の手順に従ってヒトPDI cDNAのスクリーニングを行った。

【0052】プローブには、ヒトプロリン 4-水酸化酵素 (PDIと同一タンパク質) cDNA [Pihlajaniemi, T. et al. (1987) EMBO J., 6, 643] の 243番目から 282番目の塩基配列の相補鎖に対応する40mer のオリゴマーDNA (5'-TGGCGTCCACCTTGGCCAACCTGATCTCGGAACCTTCTGC-3') を、自動DNA合成機 (Applied Biosystems社モデル380B) により合成したものをを用いた。

【0053】合成DNA (20pmoles) を 50mM Tris-HCl (pH7.5); 10mM MgCl₂; 5mMジチオスレイトール、100μCi [γ-³²P] ATP (〜3000Ci/mmol, Amersham社) および12単位のT4ポリヌクレオチドキナーゼ (宝酒造社) を含む溶液50μl 中で37℃60分間反応させることによりその5'端をリン酸化標識した。上記のフィルターをプレハイブリダイゼーション溶液 [5×デンハルト溶液 (100×デンハルト溶液 = 2%ウシ血清アルブミン、2%フィコール 400および2%ポリビニルピロリドン)、1M NaCl、50mM Tris-HCl (pH 7.5)、10mM EDTA (pH8.0)、0.1%ドデシルサルコシン酸ナトリウムおよび20μg/mlの超音波処理をしたサケ精子DNA] に37℃1時間浸したあと、ハイブリダイゼーション溶液 (プレハイブリダイゼーション溶液に約10⁵ cpm/mlの上記標

識DNAを含む溶液) 中に37℃15時間浸した。このフィルターを 2×SSC 溶液を用いて室温で洗浄し、さらに 2×SSC、0.1%ドデシルサルコシン酸ナトリウム溶液で42℃30分間洗浄した後X線フィルム (XAR-5, Kodak社) に-80℃で一晩露光させた。フィルムの現像の結果、1次スクリーニングで8つの陽性シグナルを得た。これらのシグナルに対応する位置にあるファージを上記プレートからゲル切片として切り取り1mlのSM緩衝液 [100mM NaCl, 10mM MgCl₂, 50mM Tris-HCl (pH7.5) および0.01%ゼラチン] に浸し、4℃で一晩静置することにより、ゲル中のファージを溶液中に回収した。このようにして得られた8種の1次スクリーニング陽性ファージについて、それぞれ1次スクリーニングと同様の条件で2次スクリーニングを行った結果1つのみが陽性クローンとして残った。このクローンについてさらに3次スクリーニングを行い完全に単一の陽性クローンとして分離した。

【0054】得られた陽性クローンのファージDNA を Leder らの方法 [Leder, P., Tiemeir, D. & Enquist L. (1977) Science 196, 175] により調製した。得られたファージDNAの1/5量を溶液 [100mM Tris-HCl (pH7.5)、100mM NaCl、6mM MgCl₂、6mMメルカプトエタノール、0.1%ゼラチン、20μg/mlリボヌクレアーゼAおよび20単位のEcoRI (ニッポンジーン社)] 50μl 中で37℃1時間消化後、0.8%アガロースゲルで電気泳動を行った結果、この陽性クローンが約150bpのインサートDNAを含むことが分かった。ガラスパウダー (Gene CleanTM, Bio-101社) を用いてインサートDNAを分離・精製した。回収したDNA断片約20ngとEcoRIで消化したpUC19ベクター約100ngとをDNAライゲーションキット (宝酒造社) A液20μl、B液4μlの混合液中で16℃15時間反応させることにより両DNAを連結させた組換えプラスミドを得た。この反応液10μlを用いてMandel法 [Mandel, M. & Higa, A. (1970) J. Mol. Biol. 53, 154] により大腸菌TG1株を形質転換した。得られた形質転換体を25μg/mlアンピシリンを含むLB培地 100mlで37℃一晩培養し、アルカリ溶菌法 [Birnbom, H.C. & Doly J. (1979) Nucleic Acids Res. 7, 1513] によりプラスミドDNAを精製した。このプラスミドDNA10μgを溶液 [100mM Tris-HCl (pH7.5)、100mM NaCl、6mM MgCl₂、6mMメルカプトエタノール、0.1%ゼラチンおよび100単位のEcoRI (ニッポンジーン社)] 200μl 中で37℃1時間消化後、フェノール抽出、エタノール沈澱を行い濃縮し、0.8%アガロースゲル電気泳動を行った。約150bpのインサートDNAをガラスパウダーで回収し、以下に記すPDI cDNAのスクリーニングに用いるプローブとした。

【0055】ヒトPDI cDNAの全長を含むクローンを得るために、改めてヒト肝臓入gt11cDNAライブラリー (Clontech社) 約50,000クローンおよびヒト胎盤入gt11cDNAラ

13

イブラリー (同社) 約50,000クローンについてのスクリーニングを行った。上記の手順と同様に両ライブラリーのファージDNAを固定したフィルターを作製した。上記150bp ヒトPDI cDNA断片約100 ngを [α - 32 P] dCTP (400Ci/mmol, Amersham 社) およびニクトランスレーションキット (同社) を用いて放射性標識したものを本スクリーニングに用いた。上記の両フィルターをプレハイブリダイゼーション溶液に60℃ 1時間浸した後、ハイブリダイゼーション溶液 (プレハイブリダイゼーション溶液に約10⁶ cpm/mlの上記標識DNAを含む溶液) 中に60℃15時間浸した。このフィルターを2×SSC溶液を用いて室温で洗浄し、さらに0.5×SSC、0.1%ドデシルサルコシネートナトリウム溶液で65℃ 1時間洗浄した後X線フィルム (XAR-5, Kodak社) に-80℃で一晩露光させた。フィルムの現像の結果、肝臓 cDNAライブラリーより6個、胎盤 cDNAライブラリーより5個の陽性シグナルを得た。これらをさらに2次、3次のスクリーニングにかけることにより最終的に肝臓 cDNAライブラリーより4個、胎盤 cDNAライブラリーより3個の陽性クローンを単離した。得られた7つのクローンのEcoRIインサートDNA断片を前述と同様の方法に従ってプラスミドベクターpUC19のEcoRI部位にサブクローン化した後、7クローンのインサートについての制限酵素地図を作成した。その結果、肝臓 cDNAの4つおよび胎盤 cDNAの2つが互いにオーバーラップしており、かつ、そのうちの肝臓由来のクローン1つ (pHPDI16) と胎盤由来のクローン1つ (pHPDIp4) の2つで目的とするヒトPDI cDNAの全長をカバーしていることが、これらのクローンとPihlajaniemiらのクローンの制限酵素地図の比較から予想された。両クローンについて M13 SEQUENCING KIT (東洋紡績社)、M13 Sequencing Kit (宝酒造社) および自動DNAシーケンサー (370A, Applied Biosystems社) によりDNA塩基配列を決定した。Pihlajaniemiらのデータとの比較により両クローンは全長2454塩基対から成るヒトPDI cDNAをコードすることが明らかとなった (配列番号1)。

【0056】ヒトPDIの酵母発現プラスミドの構築

上記のヒトPDI cDNAをコードする2つのクローンpHPDI16およびpHPDIp4をもとにしてヒトPDIの酵母における発現用プラスミドを以下の手順で構築した (第1図A、BおよびC)。

【0057】アルカリ溶菌法により調製したpHPDI16 DNA約1 μgを溶液 [10mM Tris-HCl (pH7.5)、100mM NaCl、6mM MgCl₂、6mMメルカプトエタノール、0.1%ゼラチン、10単位のEcoRI (ニッポンジーン社) および10単位のPstI (同社)] 20 μl 中で37℃ 1時間消化後、0.8%アガロースゲルで電気泳動を行い、PDI cDNAの5'末端EcoRIからPstI部分の約490bpの長さのDNA断片をガラスパウダーにより分離・精製した。一方 pHPDIp4 DNA約1 μgを溶液 [10mM Tris-HCl (pH7.5)、100mM NaCl、6

14

mM MgCl₂、6mMメルカプトエタノール、0.1%ゼラチン、10単位のPstI (ニッポンジーン社) および10単位のBamHI (同社)] 20 μl 中で37℃ 1時間消化後同様にPDI cDNAの3'末端PstIからBamHI部分の約1.3kbの長さのDNA断片を分離・精製した。このようにして回収した両DNA断片それぞれ約50ngおよびEcoRIおよびBamHIで消化し、線状にしたプラスミドベクターpUC119 DNA約20ngを宝酒造社のDNAライゲーションキットA液25 μl およびB液5 μl 中で16℃15時間反応させることにより連結させた。この反応液10 μlを用いてカルシウム法により大腸菌MV1190株コンピテントセルを形質転換した。大腸菌は、直径90mmのX-Galプレート (50 μg/ml 5-ブromo-4-クロロ-3-インドリル-β-D-ガラクトピラノシド、80 μg/mlイソプロピル-β-D-チオガラクトピラノシド、25 μg/mlアンピシリン、LB培地および1.5%寒天) にまいた。37℃で一晩培養後、得られた白色コロニーを拾い、アルカリ溶菌法でプラスミドDNAを調製し、制限酵素を用いた解析を行い目的とするプラスミドを保持する形質転換体を選択した。得られたプラスミドをpHPDIEBと名付けた。

【0058】pHPDIEBをもとにして、Kunkel法 [Kunkel, T.A. (1985) Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 82, 488] により、cDNA上のPDIシグナル配列とPDIの本体との境界部分に制限酵素NaeI切断部位を導入した。pHPDIEB DNAを用いてカルシウム法により大腸菌BW313株コンピテントセルを形質転換した。得られた形質転換体の単コロニーを150 μg/mlのアンピシリンを含む2×YT培地 (1.6%バクトトリプトン、0.5% NaCl および1%バクトイーストエキストラクト) で37℃一晩前培養を行った。この培養液1 mlを150 μg/mlのアンピシリンを含む2×YT培地50 mlに接種し37℃でさらに培養した。濁度 (OD₆₀₀) が0.3程度に達したところでM13K07ファージをm.o.i.=2程度で加え37℃30分間静置し感染させた。これに70 μg/mlの濃度になるようにカナマイシンを加え37℃20時間振盪培養を行った。培養液を遠心分離にかけ得られた上清に1/5容の2.5M NaCl、20%ポリエチレングリコール#6000溶液を加え攪拌した後室温で15分間静置した。遠心分離にかけ得られた沈殿を5 mlのTE緩衝液 [10mM Tris-HCl、1mM EDTA (pH8.0)] に溶かし等容の中和フェノールを加え攪拌後遠心分離にかけて水層を回収した。これに等容のクロロホルムを加え攪拌後遠心分離にかけて水層を回収した。得られた溶液に1/10容の3M酢酸ナトリウムおよび2.5容のエタノールを加え攪拌後-80℃で30分間静置し遠心分離によりDNAを沈殿として回収した。これを70%エタノールで洗浄し減圧乾燥後100 μlのTE緩衝液に溶解した。以上の方法で調製したdUを含むpHPDIEB由来の一本鎖DNAを用いて以下の手順で目的とする変異即ちNaeI部位の導入を行った。変異導入用合成オリゴヌクレオチド (5'-CGGGGGCCCGCGCGC-3', 宝酒造社) 10 pmolを溶液 [10

15

0mM Tris-HCl (pH8.0)、10mM MgCl₂、7mMジチオスレイトール、1mM ATP および10単位のT4ポリヌクレオチドキナーゼ(宝酒造社) 10μl 中で37℃15分間反応後70℃10分間加熱してT4ポリヌクレオチドキナーゼを失活させた。上記pHDIIEB由来の一本鎖DNA 0.2pmol および1μlのアニーリング緩衝液(Site-directed mutagenesis system MutanTM-K, 宝酒造社)に滅菌水を加え最終容量を10μlとし、そのうちの1μlと上記リン酸化変異導入用合成オリゴヌクレオチド溶液1μlを混合し、65℃15分、37℃15分静置後、25μlの伸長緩衝液(上記MutanTM-K, 同社)60単位の大腸菌DNAリガーゼ(MutanTM-K, 同社)および1単位のT4 DNAポリメラーゼ(MutanTM-K, 同社)を加え25℃2時間反応させることにより相補鎖合成を行った。この溶液に3μlの0.2M EDTA(pH8.0)を加え、65℃で5分間加熱することにより相補鎖合成を停止させた。得られたDNA溶液3μlを30μlの大腸菌BMH71-18mutSコンピテントセルと混合し、氷中30分、42℃45秒さらに氷中1分間静置した。これに300μlのSOC培地(2%バクトトリプトン、0.5%イーストエキストラクト、10mM NaCl、2.5mM KCl、10mM MgSO₄、10mM MgCl₂および20mMグルコース)を加え37℃1時間振盪した。さらに10μlのM13K07ファージを加え37℃で30分間静置後、150μg/mlのアンプシリンおよび70μg/mlのカナマイシンを含む2×YT培地1mlを加え、37℃20時間振盪した。得られた培養液を遠心分離し、上清20μlを回収し、大腸菌MV1190培養液80μlと混合し、37℃10分間加熱後、150μg/mlのアンプシリンを含むLBプレートにまき37℃で一晩培養した。得られた形質転換体のうち、目的とするNaeI部位導入プラスミドを保持するものをM13 SEQUENCING KIT(東洋紡績社)を用いたDNA塩基配列解析により同定した。このプラスミドをpHDIIEBと名付けた。

【0059】アルカリ溶菌法で調製したpHDIIEB DNA 2*

1. 5' - TCGAGAATTCATGAAGTGGGTACCTTCATCTCTTTGTTGTT-3'、
2. 5' - AACAAAGAACAAAGAGATGAAGTAACCCACTTCATGAATTC-3'、
3. 5' - CTGTCTCTCTCTGCTTACTCTAGAGGTGTTTCAGAGGCGCTG-3'、
4. 5' - GATCCAGGCTTCTGAAAACACCTCTAGAGTAAGCAGAAGAG-3'

を自動DNA合成機(Applied Biosystems社、モデル380B)を用いて合成した。これら各々約30 pmolを、溶液[50mM Tris-HCl(pH7.6)、10mM MgCl₂、5mMジチオスレイトール、0.2mM ATP 及び6単位のT4ポリヌクレオチドキナーゼ(宝酒造社) 25μl 中で37℃1時間反応させることにより5'端をリン酸化した。得られたオリゴヌクレオチドを含む溶液を混ぜ(計100μl)100℃の水浴に5分間放置した後室温で冷却しアニーリングを行った。これに600単位の大腸菌DNAリガーゼ(宝酒造社)を加え16℃で一晩保温し、フラグメント間の連結を行い二本鎖フラグメントにした。この二本鎖DNAをフェノール抽出による除タンパク質後、エタノール沈殿により回収した。

16

* μgを溶液[10mM Tris-HCl (pH8.0)、20mM NaCl、7mM MgCl₂、7単位のNaeI(ニッポンジーン社)および10単位のHind III(宝酒造社) 30μl 中で37℃4時間消化後0.8%アガロースゲル電気泳動を行い約1.7kbの長さのDNA断片をガラスパウダーにより分離・精製した。ヒト血清アルブミンのブレブロ配列を酵母において使用頻度の高いコドンによりコードするDNA断片をクローン化したプラスミドpUC119Sigの構築を以下の手順で行った(第1図A)。

10 【0060】プラスミドベクターpUC119 DNA 1μgを溶液[100mM Tris-HCl (pH7.5)、10mM MgCl₂、50mM NaCl および12単位のEcoRI(ニッポンジーン社) 20μl 中で37℃1時間消化した後、70℃5分間加熱して酵素を失活させた。次に滅菌水38μlおよびバクテリアアルカリ性ホスファターゼ1単位(宝酒造社)を加えて37℃1時間保温した後、フェノール抽出を行い、得られた水層をエタノール沈殿に用いDNAを回収した。このDNAと、

5' -AATTCTCGAG

20 GAGCTCTTAA-5'

の配列から成るXhoI部位を含むXhoIリンカー等モルとを溶液[66mM Tris-HCl(pH7.5)、6.6mM MgCl₂、10mMジチオスレイトール、0.1mM ATP および300単位のT4 DNAリガーゼ(宝酒造社) 30μl 中で16℃一晩保温した。この溶液10μlを用いて大腸菌JM107株コンピテントセルをカルシウム法に従い形質転換し、50μg/mlのアンプシリンを含むLBプレートにまき37℃一晩保温した。得られたコロニーについて、アルカリ溶菌法を用いてプラスミドDNAを調製し、制限酵素解析を行うことにより目的とするXhoIリンカーがpUC119 EcoRI部位に挿入されたプラスミドDNAを選択取得した。

【0061】以下の配列をもつ4種類のオリゴヌクレオチド:

40 【0062】上述のXhoIリンカーを導入したベクタープラスミド1μgを溶液[100mM Tris-HCl(pH7.5)、10mM MgCl₂、100mM NaCl、10単位のBamHI(ニッポンジーン社)および12単位のXhoI(宝酒造社) 20μl 中で37℃1時間消化した後、フェノール抽出を行い、得られた水層からエタノール沈殿によりDNAを回収した。このDNAと上述の4つのオリゴヌクレオチドの連結により得られた二本鎖DNAフラグメント等モルを溶液[66mM Tris-HCl(pH7.5)、6.6mM MgCl₂、10mMジチオスレイトール、0.1mM ATP および300単位のT4 DNAリガーゼ(宝酒造社) 30μl 中で16℃一晩保温した。この溶液10μlを用いて大腸菌JM107株コンピテントセルをカルシウム法に従い形質転換し、50μg/mlのアンプシ

17

リンを含むLBプレート上にまき37℃一晩保温した。得られたコロニーについて、それらの保持するプラスミドDNAの塩基配列解析を行うことにより目的とする組換えプラスミドをもつ形質転換体を選択した。このプラスミドをpUC119Sigと名付けた。

【0063】上記の手順で作製したプラスミドpUC119Sig DNAをアルカリ溶菌法で調製した。このDNA 2μgを溶液 [10mM Tris-HCl (pH8.0)、100mM NaCl、7mM MgCl₂、8単位のStuI (ニッポンジーン社) および10単位のHind III (宝酒造社)] 中で37℃4時間消化後 0.8%ア
10 アガロースゲル電気泳動にかけ、約3.2kbの長さのDNA断片をガラスパウダーで分離・精製した。このようにして得られたphPDINae由来の1.7kb DNA断片約50ngとpUC119 Sig由来の3.2kb DNA断片約50ngを宝酒造社ライゲーションキットA液30μl B液 6μl 中で16℃30分間反応後、10μlを用いてカルシウム法により大腸菌株HB101コンピテントセル (宝酒造社) を形質転換し、50μl / mlのアンピシリンを含むLBプレートにまいた。このプレートを37℃一晩静置することにより得られたコロニーについて、アルカリ溶菌法を用いてプラスミドDNAを
20 調製し、制限酵素を用いた解析を行うことにより、ヒト血清アルブミンのプレプロ配列下流にヒトPDI本体を接続した形の (第2図) 組換えプラスミドを選択し取得した。このプラスミドをpHPDILy1と名付けた。

【0064】以上のようにして得られたリーダー配列改変型PDIを酵母アルコールデヒドロゲナーゼI遺伝子のプロモーター支配下で発現させるべく、以下の手順によりヒトPDI発現プラスミドを構築した。アルカリ溶菌法により調製した上記 phPDILy1 DNA 7μlを溶液 [100mM Tris-HCl (pH8.0)、100mM NaCl、7mM MgCl₂、
30 および40単位のEcoRI (ニッポンジーン社)] 100μl 中で37℃2時間消化後、等容のフェノール/クロロホルム混液 (飽和フェノールとクロロホルムを等容混合した溶液) を加え攪拌し、遠心分離後水層を回収した。このフェノール/クロロホルム抽出を繰返し、得られた水層に1/10容の3M酢酸ナトリウム (pH5.3) および2.5容のエタノールを加え混合し、-40℃2時間静置した。遠心により得られた沈殿を70%エタノールで洗浄後減圧乾燥し50μlのKlenow緩衝液 (Kilo-Sequence 用Deletion Kit, 宝酒造社) に溶解し、4単位のKlenow fragment 緩
40 衝液 (宝酒造社) を加え37℃45分間反応させることによりEcoRI切断部分の平滑化を行った。この溶液について2回のフェノール/クロロホルム抽出を行ない、得られた水層に1/10容の3M酢酸ナトリウム (pH5.3) および2.5容のエタノールを加え混合し、-40℃1時間静置した。遠心により得られた沈殿を70%エタノールで洗浄後減圧乾燥し、50μlのKlenow緩衝液 (Kilo-Sequence 用Deletion Kit, 宝酒造社) に溶解し、4単位のKlenow fragment (宝酒造社) を加え37℃45分間反応させることによりEcoRI切断部分の平滑化を行った。この溶液につ
50

18

いて2回のフェノール/クロロホルム抽出を行ない、得られた水層に1/10容の3M酢酸ナトリウム (pH5.3) および2.5容のエタノールを加え混合し、-40℃1時間静置した。遠心により得られた沈殿を70%エタノールで洗浄後減圧乾燥し、溶液 [10mM Tris-HCl (pH8.0)、60mM NaCl、7mM MgCl₂ および10単位のBamHI (ニッポンジーン社)] 40μl に溶かし37℃3時間反応させた。得られたDNA溶液を0.8%アガロースゲル電気泳動にかけ、約1.8kbのDNA断片をガラスパウダーで分離・精製した。一方、アルカリ溶菌法で調製したpJDB-ADH-E5A-A (特開平2-117384号公報) DNA5μlを溶液 [10mM Tris-HCl (pH8.0)、100mM NaCl、7mM MgCl₂ および24単位のXhoI (宝酒造社)] 100μl 中で37℃2時間消化後、フェノール/クロロホルム抽出を2回行い得られた水層に、
1/10容の3M酢酸ナトリウム (pH5.3) および2.5容のエタノールを加え混合し、-40℃2時間静置後遠心により沈殿としてDNAを回収した。このDNA沈殿を70%エタノールで洗浄後減圧乾燥し、50μlのKlenow緩衝液 (Kilo-Sequence Deletion Kit, 宝酒造社) に溶解し、4単位のKlenow fragment (宝酒造社) を加え37℃45分間反応させることによりXhoI切断部分の平滑化を行った。この溶液について2回のフェノール/クロロホルム抽出を行ない、得られた水層に1/10容の3M酢酸ナトリウム (pH5.3) および2.5容のエタノールを加え混合し、-40℃1時間静置後、遠心により沈殿としてDNAを回収した。得られたDNAを70%エタノールで洗浄後減圧乾燥し、溶液 [10mM Tris-HCl (pH8.0)、60mM NaCl、7mM MgCl₂ および10単位のBamHI (ニッポンジーン社)] 40μl に溶かし、37℃75分間消化した。この溶液に10μlの2M Tris-HCl (pH8.0)、110μlの滅菌水および1単位の大腸菌C75株由来アルカリフォスファターゼ (宝酒造社) を加え混合し、60℃1時間加温することにより酵素切断部の5'脱リン酸化反応を行った。得られた溶液に1/10容の3M酢酸ナトリウム (pH5.3) および2.5容のエタノールを加え混合し、-40℃1時間静置した。遠心により沈殿としてDNAを回収し減圧乾燥後20μlのTEに溶解し0.8%アガロースゲル電気泳動にかけた。約8kbのDNA断片をガラスパウダーを用いて回収した。以上のようにして得られたphPDILy1由来の1.8kb DNA断片約50ngおよびpJDB-ADH-E5A-A由来の8kbDNA断片約50ngを宝酒造社DNAライゲーションキットA液30μl、B液 6μlと混合し、16℃2.5時間反応させ両DNAを連結させた。得られたDNA溶液10μlを用いてカルシウム法により大腸菌C600株を形質転換し、50μl / μlのアンピシリンを含むLBプレートにまき37℃で一晩培養した。得られたコロニーについてアルカリ溶菌法によりプラスミドDNAを調製し、制限酵素解析を行なうことにより目的とするアルコールヒドロゲナーゼIプロモーター下流にリーダー配列改変型PDIを連結したプラスミドを保持する形質転換体を選択した。このようにして構築したPDI発現プラスミドをpA

HhPDILy1と名付けた。また、この構築の結果、成熟型PD I のN末端アミノ酸はAsp からGly に改変された。

【0065】一方、ヒトPDI 発現実験用のコントロールプラスミドを以下の手順で作製した。アルカリ溶菌法で調製したpJDB-ADH-HSA-A DNA 5μl を溶液 [10mM Tris-HCl, 100mM NaCl, 7mM MgCl₂, 24単位のXhoI (宝酒造社) および29単位の BamHI (ニッポンジーン社)] 100 μl 中で37℃ 2時間消化後、フェノール/クロロホルム抽出を 2回行い得られた水槽に1/10容の3M酢酸ナトリウム (pH5.3) および 2.5容のエタノールを加え混合し、-40℃ 2時間静置後遠心によりDNA を沈澱として回収した。このDNA を70%エタノールで洗浄後、減圧乾燥し、50μl のKlenow緩衝液 (Kleno-Sequence Deletion Kit, 宝酒造社) に溶解し、4単位の Klenow fragment (宝酒造社) を加えて37℃45分間反応させることによりXhoIおよびBamHI 切断部分の平滑化を行った。この溶液について 2回のフェノール/クロロホルム抽出を行い得られた水槽に1/10容の3M酢酸ナトリウム (pH 5.3) および 2.5容のエタノールを加え混合し、-40℃ 1時間静置後遠心により沈澱としてDNA を回収した。これを減圧乾燥後20μl のTEに溶解し、0.8%アガロース電気泳動にかけ、約8kb のDNA 断片をガラスパウダーで回収した。得られたDNA 断片約50ngを宝酒造社DNA ライゲーションキットのA液30μl、B液 6μl と混合し、16℃一晩反応させ、自己連結により環状化した。このDNA 溶液10μl を用いて大腸菌 101株コンピテントセル (宝酒造社) をカルシウム法により形質転換し、50μl /mlのアンピシリンを含むLBプレートにまき37℃一晩培養した。得られたコロニーについてアルカリ溶菌法によりプラスミドDNA を調製し、制限酵素解析を行い、目的とするコントロール用プラスミドを選択取得した。得られたプラスミドをpAHと名付けた。

【0066】ヒトPDI の酵母による発現

上記の手順で構築したヒトPDI 発現プラスミドpAHhPDILy1を用いて以下に示す方法でヒトPDI の酵母による発現を行った。

【0067】YPDプレート (2%バクトペプトン、1%イーストエキストラクト、2%ブドウ糖および 1.5%寒天) 上で培養した酵母AH22株の単コロニーを 5mlのYPD培地 (2%バクトペプトン、1%イーストエキストラクトおよび 2%ブドウ糖) に接種し30℃24時間振盪培養した。この前培養液 0.9mlを45mlのYPD培地に接種し30℃で振盪培養し、OD₆₀₀ (濁度) が約 0.5に達したところで低速遠心にかけ沈澱として菌を回収した。得られた菌体を 3mlの 0.2M LiSCNに懸濁し、そのうちの 1mlを遠心にかけ沈澱として菌体を回収した。この菌体に46μl の50% PEG #4000、10μl のLiSCN およびアルカリ溶菌法で調製したpAHhPDILy1 DNA溶液10μl (DNA27μl 分) を加えビベッティングにより混合し、30℃で一晩静置した。これに 1mlの滅菌水を加え懸濁後遠心により菌体を沈澱

として回収した。この菌体を100μl の滅菌水で懸濁し、SD (-Leu) プレート [SD(-Leu)培地 (0.67%バクトニトロゲンベース、2%ブドウ糖、20mg/l のアデニン、同ウラシル、同トリプトファン、同ヒスチジン、同アルギニン、同メチオニン、30mg/l のチロシン、同イソロイシン、同リジン、50mg/l のフェニルアラニン、100mg /l のアスパラギン酸、同グルタミン酸、150mg /l のバリン、200mg/l のスレオニンおよび 375mg/l のセリン (以上のアミノ酸は和光純薬製)) および 1.5%寒天] 上にまき、30℃で培養した。培養 5日目に得られた形質転換体を 5mlのSD (-Leu) 培地に接種し30℃2日間振盪培養した。この前培養液 100μl を 5mlのYPD培地に接種し30℃24時間振盪培養した。得られた培養液 1.5mlを遠心分離にかけ上清 500μl を回収し、これに等容のエタノールを加え混合後氷中に1時間静置した。これを遠心分離にかけ培地中の酵母細胞からの分泌物を沈澱として回収し減圧乾燥した。得られた沈澱を10μl のSDS-PAGE用サンプル緩衝液 (125mM Tris-HCl (pH6.8) 、4%SDS 、20%グリセリン、10%β-メルカプトエタノールおよび0.01%プロモフェノールブルー) に溶解し、5分間煮沸後SDS-PAGE プレート10/20 (第一化学薬品) にて電気泳動を行った。このゲルを染色液 (0.15%クマシーブリリアントブルー、10%酢酸および40%メタノール) で染色後、脱色液 (10%酢酸および40%メタノール) に浸し、発現物を視覚化した。この際コントロールとして上記pAH を出発点として上述のpAHhPDILy1についてと全く同様の操作により得られた培地サンプルを同時に泳動した。分子量標準としてフォスフォリラーゼb (分子量94,000) 、ウシ血清アルブミン (67,000) 、オボアルブミン (43,000) 、カーボニックアンヒドラーゼ (30,000) 、大豆トリプシンインヒビター (20,000) およびα-ラクトアルブミン (14,000) を用いた (第3図) 。その結果、分子量約55K の発現物を見出すことができた。この分子量は、成熟PDI の分子量と一致しており目的とするヒトPDI が発現分泌したものと期待された。そこで発現分泌物のタンパク質化学的特性を調べることを目的として以下の手順で大量培養を行った。

【0068】pAHhPDILy1を保持する酵母AH22株の単コロニーを80mlのSD (-Leu) 培地に接種し、30℃ 2日間振盪培養した。得られた前培養液を80mlずつ41のYPD・リン酸培地 (YPD培地、6g/l のNa₂HPO₄ および 3g/l のKH₂PO₄、pH 7.0) に接種し、30℃24時間振盪培養を行った。この培養液を遠心分離にかけ上清を回収し以下の分泌発現物の精製に用いた。

【0069】

培地からの組換えヒトPDI の単離とその特性化

上記のようにして得られた形質転換酵母培養培地4l を、ミリポアーミリタン限外濾過器 (排除分子量30,000) を用い、40倍濃縮を行った (100ml) 後、TSK-gel Phenyl-5PW疎水性カラムにより、ヒトPDI を単離した。

疎水性カラムは0.85M硫酸、0.05% Na₂S₂O₈を含む10mMホウ酸-10mM KCl緩衝液pH 8.0で平衡化したものから、125分間で、硫酸を含まない同緩衝液へと直線的濃度勾配を形成させることによって溶出した。この時の流速は2 ml/minである。この結果を第4図に示す。第5図には、単離されたヒトPDIのSDS電気泳動図を示す。図に示されるように、疎水性カラムクロマトグラフィーによってヒトPDIはほぼ単一の成分にまで分離され、かつ、PDI活性を保持していることが明らかになった。YPD培地に由来する紫外外部吸収物質は、このクロマトグラフィーによってきわめて効率よく除去できることが分かる。

【0070】PDI活性の測定

PDI活性の測定は、還元・変性・再酸化による方法で作製したスクランブルドリボヌクレアーゼA (RNase A)の再構成への促進効果を見ることによって行った。リボヌクレアーゼAの再構成の程度は、その酵素活性の回復の程度を指標として定量化した。具体的方法を以下に示す。

【0071】スクランブルDRNase Aの調製：120mgのRNase Aを6M Guanidinium塩酸、0.15Mジチオスレイトールを含む3mlの0.1Mトリス塩酸緩衝液pH8.6に溶解した後、窒素気流下で、15時間室温で還元を行った。還元物を0.01N HClで平衡化させたセファデックスG-25カラム(15mmφ×38cm)で還元剤を除去した。この脱塩物にGuanidinium塩酸を最終濃度6Mとなるように加え、更にトリスを加えpHを9.0に合せ、S-S結合の交換反応を暗所、4℃で14日間行なわせた。この試料を-80℃で保存したものをスクランブルDRNase Aとして使用した。

【0072】PDI活性の測定：窒素置換を施した55mMリン酸緩衝液(pH 7.5) 20mlに、10μlの1Mジチオスレイトールを加えたものを調製し、この溶液から10μlを取り、20μlの酵素試料と混ぜた55mMリン酸緩衝液(pH 7.5) 420μlに加え30℃で5分半放置する。これに上記スクランブルDRNase A溶液50μlを加え30℃、15分半反応させる。ここで、1.945mlの脱気した50mMトリス塩酸、5mM塩化マグネシウム、25mM塩化カリウムを含む緩衝液pH7.5に、50μlのイーストRNA溶液(10mMトリス塩酸緩衝液pH7.5/1mM EDTA, 280nmの吸光度80になるように調節したもの)を1cm角石英セルに加え、攪拌しながら温度を45℃になるように平衡化させる。このとき260nmでの吸光度が変化しないことを確認しておく。ジチオスレイトール処理したスクランブルDRNase A溶液から5μl取り、これをセル中の溶液と混ぜながら、0.2分毎に2分間260nmでの吸光度を測る。PDI活性は260nmでの吸光変化速度の初速から求められる。

【0073】ヒトPDI発現プラスミドpAHhPDILy1による酵母HIS23株の形質転換

ヒトPDI発現プラスミドpAHhPDILy1を用いて、以下の手順に従いHSA生産酵母HIS23株[特願平2-57

885号/微工研菌寄第11351号(FERM P-1138)]を形質転換した。

【0074】YPDプレート(2%バクトトリプトン、1%バクトイーストエキストラクト、2%ブドウ糖および1.5%寒天)上で培養したHSA発現酵母HIS23株の単一コロニーを5mlのYPD培地(2%バクトトリプトン、1%イーストエキストラクトおよび2%ブドウ糖)に接種し、30℃で24時間振盪培養した。この培養液1mlを50mlのYPD培地に接種後30℃で振盪培養し、OD₆₀₀(濁度)が0.5程度に達したところで菌体を低速遠心により沈殿として回収した。集めた菌体に46μlの50%ポリエチレングリコール#4000、10μlのLiscNおよびアルカリ溶菌法[Birnboim, H. C. & Doly, J. (1979) *Nucleic Acids Res.* 7, 1513.]で調製したヒトPDI発現プラスミドpAHhPDILy1 DNA溶液10μl(DNA約20μg分)を加えビペティングにより混合し、30℃で一晩静置した。これに1mlの滅菌水を加え懸濁後、遠心分離により菌体を沈殿として回収した。この菌体を100μlの滅菌水で懸濁し、SD(-His, -Leu)プレート[SD(-His, -Leu)培地(0.67%バクトニトロゲンベース、2%ブドウ糖、20mg/lのアデニン、同ウラシル、同トリプトファン、同アルギニン、同メチオニン、30mg/lのチロシン、同イソロイシン、同リジン、50mg/lのフェニルアラニン、100mg/lのアスパラギン酸、同グルタミン酸、150mg/lのパリン、200mg/lのトレオニンおよび375mg/lのセリン(以上のアミノ酸は和光純薬株式会社製))および1.5%寒天]上にまき30℃で培養した。培養5日目プレート上にコロニーとして形質転換体を得た。

【0075】得られた形質転換体(pAHhPDILy1/HIS23)について以下の手順によりPDIの発現を調べた。この際コントロール実験として、pAHhPDILy1からPDIcDNA部分を除いたコントロールプラスミドpAHを用いて得られた形質転換体(pAH/HIS23)を以下使用した。プレート上のコロニーを5mlのSD(-His, -Leu)培地に接種し30℃で2日間振盪培養した。この前培養液100μlを5mlのYPD培地に接種後30℃24時間振盪培養し、得られた培養液1.5mlを遠心分離にかけその上清500μlを回収し、これに等容のエタノールを加え混合後氷中で1時間静置した。これを遠心分離にかけ培地中の酵母からの発現分泌物を沈殿として回収し遠心エバポレーターにより減圧乾燥した。得られた沈殿を10μlのSDS-PAGE用サンプル緩衝液[62.5mM Tris-HCl(pH6.8)、2%SDS、5%β-メルカプトエタノール、0.005%プロモフェノールブルーおよび20%グリセリン]に溶解し、5分間煮沸後SDS-PAGEプレート4/20-1010(第一化学薬品株式会社製)で電気泳動を行った。泳動後のゲルを染色液(0.15%クマシーブリリアントブルー、10%酢酸および40%メタ

23

ノール)で染色後、脱色液(10%酢酸および40%メタノール)に浸し培地中の発現分泌物を視覚化した。この際、分子量標準としてフォスホリラーゼb(分子量94,000ダルトン)、ウシ血清アルブミン(67,000)、オボアルブミン(43,000)、カーボニックアンヒドラーゼ(30,000)、大豆トリプシンインヒビター(20,000)および α -ラクトアルブミン(14,000)を用いた(第6図)。その結果、pAHhPDILy1によって形質転換した酵母HIS23株で、分子量約55,000ダルトンのPDIの発現分泌が検出された。

【0076】ヒトPDIのHSA発現分泌に対する効果
上記の酵母におけるHSAおよびPDIの共発現系を用いて、ヒトPDIのHSA発現分泌に対する効果を以下の手順によって調べた。

【0077】コントロールプラスミドpAHおよびヒトPDI発現プラスミドpAHhPDILy1それぞれによって形質転換した酵母HIS23株、即ちpAH/HIS23株およびpAHhPDILy1/HIS23株の独立したコロニー5つずつを各々5mlのSD(-His、-Leu)培地に接種し30℃で24時間前培養を行った。この前培養液100 μ lをそれぞれ5mlのYPD培地に接種し30℃で24時間振盪培養を行ない、各培養液から前項で述べた方法によりSDS-PAGE用の試料を調製しSDS-PAGEを行なった(第7図)。得られたゲルを用いて、各株のHSA分泌量をデンストメーター(IMAGE ANALYSIS SYSTEM、テフコ株式会社製)で定量化し、PDIの共発現によるHSAの発現分泌量の変化を調べた(第8図)。その結果、pAH/HIS23株で平均0.93mg/

24

1 またpAHhPDILy1/HIS23株で同じく1.50mg/lのHSAを分泌しており、酵母HIS23株におけるヒトPDIの共発現により、HSAの分泌量は平均で約60%の増加を示した。

【0078】

【発明の効果】本発明は、ヒト血清アルブミンプレプロ配列をコードするDNAとヒトプロテインジスルフィドイソメラーゼ遺伝子とから成る連結遺伝子を用いることにより、ヒトPDIの大量生産法の手段を初めて確立したものである。これにより、この方法は、S-S結合の掛け違い等の理由で高次構造形成が不完全な蛋白質の活性化を促進するために大量かつ安価な手段として用いることができる。主に遺伝子工学的に産生された不活性蛋白質の活性化に効果的であると考えられ、この酵素の発現を他の有用ポリペプチドの発現と共役させることにより、その有用ポリペプチドの宿主細胞による産生効率を上昇させることが可能となった。その他、研究用試薬としても使用できる。

【0079】

20 【配列表】

配列番号: 1

配列の長さ: 2454

配列の型: 核酸

鎖の数: 二本鎖

トポロジー: 直鎖状

配列の種類: cDNA to mRNA

起源: ヒト肝臓又は胎盤入gt 11 cDNAライブラリー (Clontech社)

配列

GAATTCGGG GCGACGAGA GAAGCGCCCC GCCTGATCCG TGTCGGAC ATG CTG CGC	57
Met Leu Arg	
-15	
CGC GCT CTG CTG TGC CTG GCC GTG GCC GCC CTG GTG CGC GCC GAC GCC	105
Arg Ala Leu Leu Cys Leu Ala Val Ala Ala Leu Val Arg Ala Asp Ala	
-10 -5 1	
CCC GAG GAG GAG GAC CAC GTC CTG GTG CTG CGG AAA AGC AAC TTC GCG	153
Pro Glu Glu Glu Asp His Val Leu Val Leu Arg Lys Ser Asn Phe Ala	
5 10 15	
GAG GCG CTG GCG GCC CAC AAG TAC CTG CTG GTG GAG TTC TAT GCC CCT	201
Glu Ala Leu Ala Ala His Lys Tyr Leu Leu Val Glu Phe Tyr Ala Pro	
20 25 30	
TGG TGT GGC CAC TGC AAG GCT CTG GCC CCT GAG TAT GCC AAA GCC GCT	249
Trp Cys Gly His Cys Lys Ala Leu Ala Pro Glu Tyr Ala Lys Ala Ala	
35 40 45 50	
GGG AAG CTG AAG GCA GAA GGT TCC GAG ATC AGG TTG GCC AAG GTG GAC	297
Gly Lys Leu Lys Ala Glu Gly Ser Glu Ile Arg Leu Ala Lys Val Asp	
55 60 65	
GCC ACG GAG GAG TCT GAC CTG GCC CAG CAG TAC GGC GTG CGC GGC TAT	345
Ala Thr Glu Ser Asp Leu Ala Gln Gln Tyr Gly Val Arg Gly Tyr	
70 75 80	

25	26
CCC ACC ATC AAG TTC TTC AGG AAT GGA GAC ACG GCT TCC CCC AAG GAA	393
Pro Thr Ile Lys Phe Phe Arg Asn Gly Asp Thr Ala Ser Pro Lys Glu	
85 90 95	
TAT ACA GCT GGC AGA GAG GCT GAT GAC ATC GTG AAC TGG CTG AAG AAG	441
Tyr Thr Ala Gly Arg Glu Ala Asp Asp Ile Val Asn Trp Leu Lys Lys	
100 105 110	
CGC ACG GGC CCG GCT GCC ACC ACC CTG CCT GAC GGC GCA GCT GCA GAG	489
Arg Thr Gly Pro Ala Ala Thr Thr Leu Pro Asp Gly Ala Ala Ala Glu	
115 120 125 130	
TCC TTG GTG GAG TCC AGC GAG GTG GCT GTC ATC GGC TTC TTC AAG GAC	537
Ser Leu Val Glu Ser Ser Glu Val Ala Val Ile Gly Phe Phe Lys Asp	
135 140 145	
GTG GAG TCG GAC TCT GCC AAG CAG TTT TTG CAG GCA GCA GAG GCC ATC	585
Val Glu Ser Asp Ser Ala Lys Gln Phe Leu Gln Ala Ala Glu Ala Ile	
150 155 160	
GAT GAC ATA CCA TTT GGG ATC ACT TCC AAC AGT GAC GTG TTC TCC AAA	633
Asp Asp Ile Pro Phe Gly Ile Thr Ser Asn Ser Asp Val Phe Ser Lys	
165 170 175	
TAC CAG CTC GAC AAA GAT GGG GTT GTC CTC TTT AAG AAG TTT GAT GAA	681
Tyr Gln Leu Asp Lys Asp Gly Val Val Leu Phe Lys Lys Phe Asp Glu	
180 185 190	
GGC CGG AAC AAC TTT GAA GGG GAG GTC ACC AAG GAG AAC CTG CTG GAC	729
Gly Arg Asn Asn Phe Glu Gly Glu Val Thr Lys Glu Asn Leu Leu Asp	
195 200 205 210	
TTT ATC AAA CAC AAC CAG CTG CCC CTT GTC ATC GAG TTC ACC GAG CAG	777
Phe Ile Lys His Asn Gln Leu Pro Leu Val Ile Glu Phe Thr Glu Gln	
215 220 225	
ACA GCC CCG AAG ATT TTT GGA GGT GAA ATC AAG ACT CAC ATC CTG CTG	825
Thr Ala Pro Lys Ile Phe Gly Gly Glu Ile Lys Thr His Ile Leu Leu	
230 235 240	
TTC TTG CCC AAG AGT GTG TCT GAC TAT GAC GGC AAA CTG AGC AAC TTC	873
Phe Leu Pro Lys Ser Val Ser Asp Tyr Asp Gly Lys Leu Ser Asn Phe	
245 250 255	
AAA ACA GCA GCC GAG AGC TTC AAG GGC AAG ATC CTG TTC ATC TTC ATC	921
Lys Thr Ala Ala Glu Ser Phe Lys Gly Lys Ile Leu Phe Ile Phe Ile	
260 265 270	
GAC AGC GAC CAC ACC GAC AAC CAG CGC ATC CTC GAG TTC TTT GGC CTG	969
Asp Ser Asp His Thr Asp Asn Gln Arg Ile Leu Glu Phe Phe Gly Leu	
275 280 285 290	
AAG AAG GAA GAG TGC CCG GCC GTG CGC CTC ATC ACC CTG GAG GAG GAG	1017
Lys Lys Glu Glu Cys Pro Ala Val Arg Leu Ile Thr Leu Glu Glu Glu	
295 300 305	
ATG ACC AAG TAC AAG CCC GAA TCG GAG GAG CTG ACG GCA GAG AGG ATC	1065
Met Thr Lys Tyr Lys Pro Glu Ser Glu Glu Leu Thr Ala Glu Arg Ile	
310 315 320	
ACA GAG TTC TGC CAC CGC TTC CTG GAG GGC AAA ATC AAG CCC CAC CTG	1113
Thr Glu Phe Cys His Arg Phe Leu Glu Gly Lys Ile Lys Pro His Leu	
325 330 335	
ATG AGC CAG GAG CTG CCG GAG GAC TGG GAC AAG CAG CCT GTC AAG GTG	1161
Met Ser Gln Glu Leu Pro Glu Asp Trp Asp Lys Gln Pro Val Lys Val	

27	28
340	350
CTT GTT GGG AAG AAC TTT GAA GAC GTG GCT TTT GAT GAG AAA AAA AAC	1209
Leu Val Gly Lys Asn Phe Glu Asp Val Ala Phe Asp Glu Lys Lys Asn	
355	360
GTC TTT GTG GAG TTC TAT GCC CCA TGG TGT GGT CAC TGC AAA CAG TTG	1257
Val Phe Val Glu Phe Tyr Ala Pro Trp Cys Gly His Cys Lys Gln Leu	
375	380
GCT CCC ATT TGG GAT AAA CTG GGA GAG ACG TAC AAG GAC CAT GAG AAC	1305
Ala Pro Ile Trp Asp Lys Leu Gly Glu Thr Tyr Lys Asp His Glu Asn	
390	395
ATC GTC ATC GCC AAG ATG GAC TCG ACT GCC AAC GAG GTG GAG GCC GTC	1353
Ile Val Ile Ala Lys Met Asp Ser Thr Ala Asn Glu Val Glu Ala Val	
405	410
AAA GTG CAC AGC TTC CCC ACA CTC AAG TTC TTT CCT GCC AGT GCC GAC	1401
Lys Val His Ser Phe Pro Thr Leu Lys Phe Phe Pro Ala Ser Ala Asp	
420	425
AGG ACG GTC ATT GAT TAC AAC GGG GAA CGC ACG CTG GAT GGT TTT AAG	1449
Arg Thr Val Ile Asp Tyr Asn Gly Glu Arg Thr Leu Asp Gly Phe Lys	
435	440
AAA TTC CTG GAG AGC GGT GGC CAG GAT GGG GCA GGG GAT GAT GAC GAT	1497
Lys Phe Leu Glu Ser Gly Gly Gln Asp Gly Ala Gly Asp Asp Asp Asp	
455	460
CTC GAG GAC CTG GAA GAA GCA GAG GAG CCA GAC ATG GAG GAA GAC GAT	1545
Leu Glu Asp Leu Glu Glu Ala Glu Glu Pro Asp Met Glu Glu Asp Asp	
470	475
GAT CAG AAA GCT GTG AAA GAT GAA CTG TAA TACGCAAAGC CAGACCCGGG	1595
Asp Gln Lys Ala Val Lys Asp Glu Leu *	
485	490
CGCTGCCGAG ACCCCTCGGG GGCTGCACAC CCAGCAGCAG CGCACGCCTC CGAAGCCTGC	1655
GGCCTCGCTT GAAGGAGGGC GTCGCCGGAA ACCCAGGGAA CCTCTCTGAA GTGACACCTC	1715
ACCCCTACAC ACCGTCGGT CACCCCGTC TCTTCCTTCT GCTTTTCGGT TTTTGAAAG	1775
GGATCCATCT CCAGGCAGCC CACCCTGGTG GGGCTTGTTT CCTGAAACCA TGATGTACTT	1835
TTTCATACAT GAGTCTGTCC AGAGTGCTTG CTACCGTGTT CGGAGTCTCG CTGCCTCCCT	1895
CCCGCGGGAG GTTCTCCTC TTTTGA AAA TTCCGTCTGT GGGATTITTA GACATTTTTC	1955
GACATCAGGG TATTTGTTC ACCTTGGCCA GGCCTCCTCG GAGAAGCTTG TCCCCCGTGT	2015
GGGAGGGACG GAGCCGACT GGACATGGTC ACTCAGTACC GCCTGCAGTG TCGCCATGAC	2075
TGATCATGGC TCTTGCAATT TTGGGTAAAT GGAGACTTCC GGATCCTGTC AGGGTGTCCT	2135
CCATGCCTGG AAGAGGAGCT GGTGGCTGCC AGCCCTGGGG CCGGCACAG GCCTGGGCCT	2195
TCCCTTCCC TCAAGCCAGG GCTCCTCCTC CTGTCGTGGG CTCATTGTGA CCACTGGCCT	2255
CTCTACAGCA CGGCCTGTGG CCTGTTCAAG GCAGAACCAC GACCCTTGAC TCCCGGGTGG	2315
GGAGGTGGCC AAGGATGCTG GAGCTGAATC AGACGCTGAC AGTTCTTCAG GCATTTCAT	2375
TTCACAATCG AATTGAACAC ATTGGCCAAA TAAAGTTGAA ATTTTACCCA CCCAAAAAAA	2435
AAAAAAAAA CCCGAATTC	2454

配列番号: 2

配列の長さ: 1545

配列の型: 核酸

鎖の数: 二本鎖

トポロジー: 直鎖状

配列の種類: 他の核酸 (半合成DNA)

配列

ATG AAG TGG GTT ACC TTC ATC TCT TTG TTG 30
Met Lys Trp Val Thr Phe Ile Ser Leu Leu

29		30
TTC TTG TTC TCT TCT GCT TAC TCT AGA GGT GTT TTC AGA AGG GGC GCC	78	
Phe Leu Phe Ser Ser Ala Tyr Ser Arg Gly Val Phe Arg Arg Gly Ala		
-10 -5 1		
CCC GAG GAG GAG GAC CAC GTC CTG GTG CTG CGG AAA AGC AAC TTC GCG	126	
Pro Glu Glu Glu Asp His Val Leu Val Leu Arg Lys Ser Asn Phe Ala		
5 10 15		
GAG GCG CTG GCG GCC CAC AAG TAC CTG CTG GTG GAG TTC TAT GCC CCT	174	
Glu Ala Leu Ala Ala His Lys Tyr Leu Leu Val Glu Phe Tyr Ala Pro		
20 25 30		
TGG TGT GGC CAC TGC AAG GCT CTG GCC CCT GAG TAT GCC AAA GCC GCT	222	
Trp Cys Gly His Cys Lys Ala Leu Ala Pro Glu Tyr Ala Lys Ala Ala		
35 40 45 50		
GGG AAG CTG AAG GCA GAA GGT TCC GAG ATC AGG TTG GCC AAG GTG GAC	270	
Gly Lys Leu Lys Ala Glu Gly Ser Glu Ile Arg Leu Ala Lys Val Asp		
55 60 65		
GCC ACG GAG GAG TCT GAC CTG GCC CAG CAG TAC GGC GTG CGC GGC TAT	318	
Ala Thr Glu Glu Ser Asp Leu Ala Gln Gln Tyr Gly Val Arg Gly Tyr		
70 75 80		
CCC ACC ATC AAG TTC TTC AGG AAT GGA GAC ACG GCT TCC CCC AAG GAA	366	
Pro Thr Ile Lys Phe Phe Arg Asn Gly Asp Thr Ala Ser Pro Lys Glu		
85 90 95		
TAT ACA GCT GGC AGA GAG GCT GAT GAC ATC GTG AAC TGG CTG AAG AAG	414	
Tyr Thr Ala Gly Arg Glu Ala Asp Asp Ile Val Asn Trp Leu Lys Lys		
100 105 110		
CGC ACG GGC CCG GCT GCC ACC ACC CTG CCT GAC GGC GCA GCT GCA GAG	462	
Arg Thr Gly Pro Ala Ala Thr Thr Leu Pro Asp Gly Ala Ala Ala Glu		
115 120 125 130		
TCC TTG GTG GAG TCC AGC GAG GTG GCT GTC ATC GGC TTC TTC AAG GAC	510	
Ser Leu Val Glu Ser Ser Glu Val Ala Val Ile Gly Phe Phe Lys Asp		
135 140 145		
GTG GAG TCG GAC TCT GCC AAG CAG TTT TTG CAG GCA GCA GAG GCC ATC	558	
Val Glu Ser Asp Ser Ala Lys Gln Phe Leu Gln Ala Ala Glu Ala Ile		
150 155 160		
GAT GAC ATA CCA TTT GGG ATC ACT TCC AAC AGT GAC GTG TTC TCC AAA	606	
Asp Asp Ile Pro Phe Gly Ile Thr Ser Asn Ser Asp Val Phe Ser Lys		
165 170 175		
TAC CAG CTC GAC AAA GAT GGG GTT GTC CTC TTT AAG AAG TTT GAT GAA	654	
Tyr Gln Leu Asp Lys Asp Gly Val Val Leu Phe Lys Lys Phe Asp Glu		
180 185 190		
GGC CGG AAC AAC TTT GAA GGG GAG GTC ACC AAG GAG AAC CTG CTG GAC	702	
Gly Arg Asn Asn Phe Glu Gly Glu Val Thr Lys Glu Asn Leu Leu Asp		
195 200 205 210		
TTT ATC AAA CAC AAC CAG CTG CCC CTT GTC ATC GAG TTC ACC GAG CAG	750	
Phe Ile Lys His Asn Gln Leu Pro Leu Val Ile Glu Phe Thr Glu Gln		
215 220 225		
ACA GCC CCG AAG ATT TTT GGA GGT GAA ATC AAG ACT CAC ATC CTG CTG	798	
Thr Ala Pro Lys Ile Phe Gly Gly Glu Ile Lys Thr His Ile Leu Leu		
230 235 240		
TTC TTG CCC AAG AGT GTG TCT GAC TAT GAC GGC AAA CTG AGC AAC TTC	846	
Phe Leu Pro Lys Ser Val Ser Asp Try Asp Gly Lys Leu Ser Asn Phe		

31	32
245	250
AAA ACA GCA GCC GAG AGC TTC AAG GGC AAG ATC CTG TTC ATC TTC ATC	894
Lys Thr Ala Ala Glu Ser Phe Lys Gly Lys Ile Leu Phe Ile Phe Ile	
260	265
GAC AGC GAC CAC ACC GAC AAC CAG CGC ATC CTC GAG TTC TTT GGC CTG	942
Asp Ser Asp His Thr Asp Asn Gln Arg Ile Leu Glu Phe Phe Gly Leu	
275	280
AAG AAG GAA GAG TGC CCG GCC GTG CGC CTC ATC ACC CTG GAG GAG GAG	990
Lys Lys Glu Glu Cys Pro Ala Val Arg Leu Ile Thr Leu Glu Glu Glu	
295	300
ATG ACC AAG TAC AAG CCC GAA TCG GAG GAG CTG ACG GCA GAG AGG ATC	1038
Met Thr Lys Tyr Lys Pro Glu Ser Glu Glu Leu Thr Ala Glu Arg Ile	
310	315
ACA GAG TTC TGC CAC CGC TTC CTG GAG GGC AAA ATC AAG CCC CAC CTG	1086
Thr Glu Phe Cys His Arg Phe Leu Glu Gly Lys Ile Lys Pro His Leu	
325	330
ATG AGC CAG GAG CTG CCG GAG GAC TGG GAC AAG CAG CCT GTC AAG GTG	1134
Met Ser Gln Glu Leu Pro Glu Asp Trp Asp Lys Gln Pro Val Lys Val	
340	345
CIT GTT GGG AAG AAC TTT GAA GAC GTG GCT TTT GAT GAG AAA AAA AAC	1182
Leu Val Gly Lys Asn Phe Glu Asp Val Ala Phe Asp Glu Lys Lys Asn	
355	360
GTC TTT GTG GAG TTC TAT GCC CCA TGG TGT GGT CAC TGC AAA CAG TTG	1230
Val Phe Val Glu Phe Tyr Ala Pro Trp Cys Gly His Cys Lys Gln Leu	
375	380
GCT CCC ATT TGG GAT AAA CTG GGA GAG ACG TAC AAG GAC CAT GAG AAC	1278
Ala Pro Ile Trp Asp Lys Leu Gly Glu Thr Tyr Lys Asp His Glu Asn	
390	395
ATC GTC ATC GCC AAG ATG GAC TCG ACT GCC AAC GAG GTG GAG GCC GTC	1326
Ile Val Ile Ala Lys Met Asp Ser Thr Ala Asn Glu Val Glu Ala Val	
405	410
AAA GTG CAC AGC TTC CCC ACA CTC AAG TTC TTT CCT GCC AGT GCC GAC	1374
Lys Val His Ser Phe Pro Thr Leu Lys Phe Phe Pro Ala Ser Ala Asp	
420	425
AGG ACG GTC ATT GAT TAC AAC GGG GAA CGC ACG CTG GAT GGT TTT AAG	1422
Arg Thr Val Ile Asp Tyr Asn Gly Glu Arg Thr Leu Asp Gly Phe Lys	
435	440
AAA TTC CTG GAG AGC GGT GGC CAG GAT GGG GCA GGG GAT GAT GAC GAT	1470
Lys Phe Leu Glu Ser Gly Gly Gln Asp Gly Ala Gly Asp Asp Asp Asp	
455	460
CTC GAG GAC CTG GAA GAA GCA GAG GAG CCA GAC ATG GAG GAA GAC GAT	1518
Leu Glu Asp Leu Glu Glu Ala Glu Glu Pro Asp Met Glu Glu Asp Asp	
470	475
GAT CAG AAA GCT GTG AAA GAT GAA CTG	1545
Asp Gln Lys Ala Val Lys Asp Glu Leu	
485	490

配列番号: 3

配列の長さ: 491

配列の型: アミノ酸

配列

トポロジー: 直鎖状

配列の種類: タンパク質

33															34												
Gly	Ala	Pro	Glu	Glu	Glu	Asp	His	Val	Leu	Val	Leu	Arg	Lys	Ser	Asn												
1					5				10						15												
Phe	Ala	Glu	Ala	Leu	Ala	Ala	His	Lys	Tyr	Leu	Leu	Val	Glu	Phe	Tyr												
			20						25						30												
Ala	Pro	Trp	Cys	Gly	His	Cys	Lys	Ala	Leu	Ala	Pro	Glu	Tyr	Ala	Lys												
			35						40						45												
Ala	Ala	Gly	Lys	Leu	Lys	Ala	Glu	Gly	Ser	Glu	Ile	Arg	Leu	Ala	Lys												
			50						55						60												
Val	Asp	Ala	Thr	Glu	Glu	Ser	Asp	Leu	Ala	Gln	Gln	Tyr	Gly	Val	Arg												
							70								80												
Gly	Tyr	Pro	Thr	Ile	Lys	Phe	Phe	Arg	Asn	Gly	Asp	Thr	Ala	Ser	Pro												
							85								95												
Lys	Glu	Tyr	Thr	Ala	Gly	Arg	Glu	Ala	Asp	Asp	Ile	Val	Asn	Trp	Leu												
							100								110												
Lys	Lys	Arg	Thr	Gly	Pro	Ala	Ala	Thr	Thr	Leu	Pro	Asp	Gly	Ala	Ala												
							115								125												
Ala	Glu	Ser	Leu	Val	Glu	Ser	Ser	Glu	Val	Ala	Val	Ile	Gly	Phe	Phe												
															140												
Lys	Asp	Val	Glu	Ser	Asp	Ser	Ala	Lys	Gln	Phe	Leu	Gln	Ala	Ala	Glu												
							150								160												
Ala	Ile	Asp	Asp	Ile	Pro	Phe	Gly	Ile	Thr	Ser	Asn	Ser	Asp	Val	Phe												
							165								175												
Ser	Lys	Tyr	Gln	Leu	Asp	Lys	Asp	Gly	Val	Val	Leu	Phe	Lys	Lys	Phe												
							180								190												
Asp	Glu	Gly	Arg	Asn	Asn	Phe	Glu	Gly	Glu	Val	Thr	Lys	Glu	Asn	Leu												
							195								205												
Leu	Asp	Phe	Ile	Lys	His	Asn	Gln	Leu	Pro	Leu	Val	Ile	Glu	Phe	Thr												
							210								220												
Glu	Gln	Thr	Ala	Pro	Lys	Ile	Phe	Gly	Gly	Glu	Ile	Lys	Thr	His	Ile												
							225								240												
Leu	Leu	Phe	Leu	Pro	Lys	Ser	Val	Ser	Asp	Tyr	Asp	Gly	Lys	Leu	Ser												
							245								255												
Asn	Phe	Lys	Thr	Ala	Ala	Glu	Ser	Phe	Lys	Gly	Lys	Ile	Leu	Phe	Ile												
							260								270												
Phe	Ile	Asp	Ser	Asp	His	Thr	Asp	Asn	Gln	Arg	Ile	Leu	Glu	Phe	Phe												
							275								285												
Gly	Leu	Lys	Lys	Glu	Glu	Cys	Pro	Ala	Val	Arg	Leu	Ile	Thr	Leu	Glu												
							290								300												
Glu	Glu	Met	Thr	Lys	Tyr	Lys	Pro	Glu	Ser	Glu	Glu	Leu	Thr	Ala	Glu												
							305								320												
Arg	Ile	Thr	Glu	Phe	Cys	His	Arg	Phe	Leu	Glu	Gly	Lys	Ile	Lys	Pro												
							325								335												
His	Leu	Met	Ser	Gln	Glu	Leu	Pro	Glu	Asp	Trp	Asp	Lys	Gln	Pro	Val												
							340								350												
Lys	Val	Leu	Val	Gly	Lys	Asn	Phe	Glu	Asp	Val	Ala	Phe	Asp	Glu	Lys												
							355								365												
Lys	Asn	Val	Phe	Val	Glu	Phe	Tyr	Ala	Pro	Trp	Cys	Gly	His	Cys	Lys												
							370								380												
Gln	Leu	Ala	Pro	Ile	Trp	Asp	Lys	Leu	Gly	Glu	Thr	Tyr	Lys	Asp	His												
							385								400												

35 36

Glu Asn Ile Val Ile Ala Lys Met Asp Ser Thr Ala Asn Glu Val Glu
405 410 415

Ala Val Lys Val His Ser Phe Pro Thr Leu Lys Phe Phe Pro Ala Ser
420 425 430

Ala Asp Arg Thr Val Ile Asp Tyr Asn Gly Glu Arg Thr Leu Asp Gly
435 440 445

Phe Lys Lys Phe Leu Glu Ser Gly Gly Gln Asp Gly Ala Gly Asp Asp
450 455 460

Asp Asp Leu Glu Asp Leu Glu Glu Ala Glu Glu Pro Asp Met Glu Glu
465 470 475 480

Asp Asp Asp Gln Lys Ala Val Lys Asp Glu Leu
485 490

【図面の簡単な説明】

【図1】第1図Aは、発現プラスミド pAEhPDILy1 の構築工程図を示す。

【図2】第1図Bは、発現プラスミド pAEhPDILy1 の構築工程図を示す。

【図3】第1図Cは、発現プラスミド pAEhPDILy1 の構築工程図を示す。

【図4】第2図は、ヒト発現プラスミド上のHSAプロ配列とPDIの境界部を示す図である。

【図5】第3図は、発現・分泌された粗組換えヒトPDIのSDS電気泳動結果を示す写真であり、ここでレーン1は分子量マーカー、レーン2はpAE/AE22（コントロール）、レーン3は pAEhPDILy1/AE22を示す。

【図6】第4図は、疎水性カラムクロマトグラフィーに

よる組換えヒトPDIの分離を示す図である。

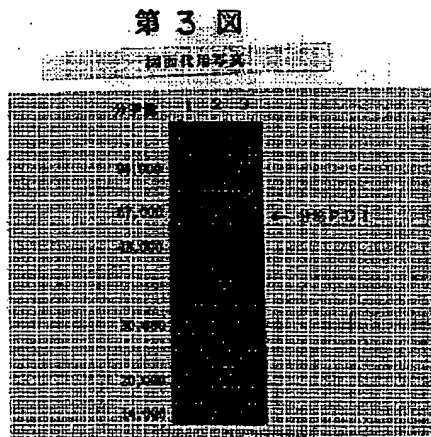
【図7】第5図は、精製組換えヒトPDIのSDS電気泳動結果を示す図であり、図面中、下側の数字は第4図に示す疎水性カラムクロマトグラフィーの分画番号を、またMは分子量マーカーを示す。

【図8】第6図は、酵母HIS23におけるヒトPDIの発現を示す電気泳動写真である。

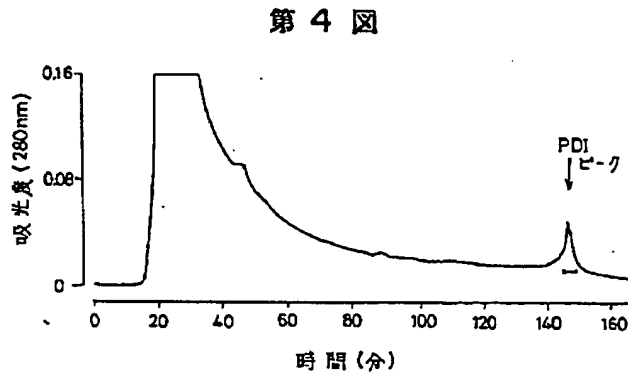
【図9】第7図は、酵母HIS23におけるヒトPDIとHSAとの共発現によるHSA分泌を示すSDS電気泳動写真である。

【図10】第8図は、第7図のSDS電気泳動ゲルを用いてHSA分泌量をデンストメーターで定量化した結果を示す図である。

【図5】

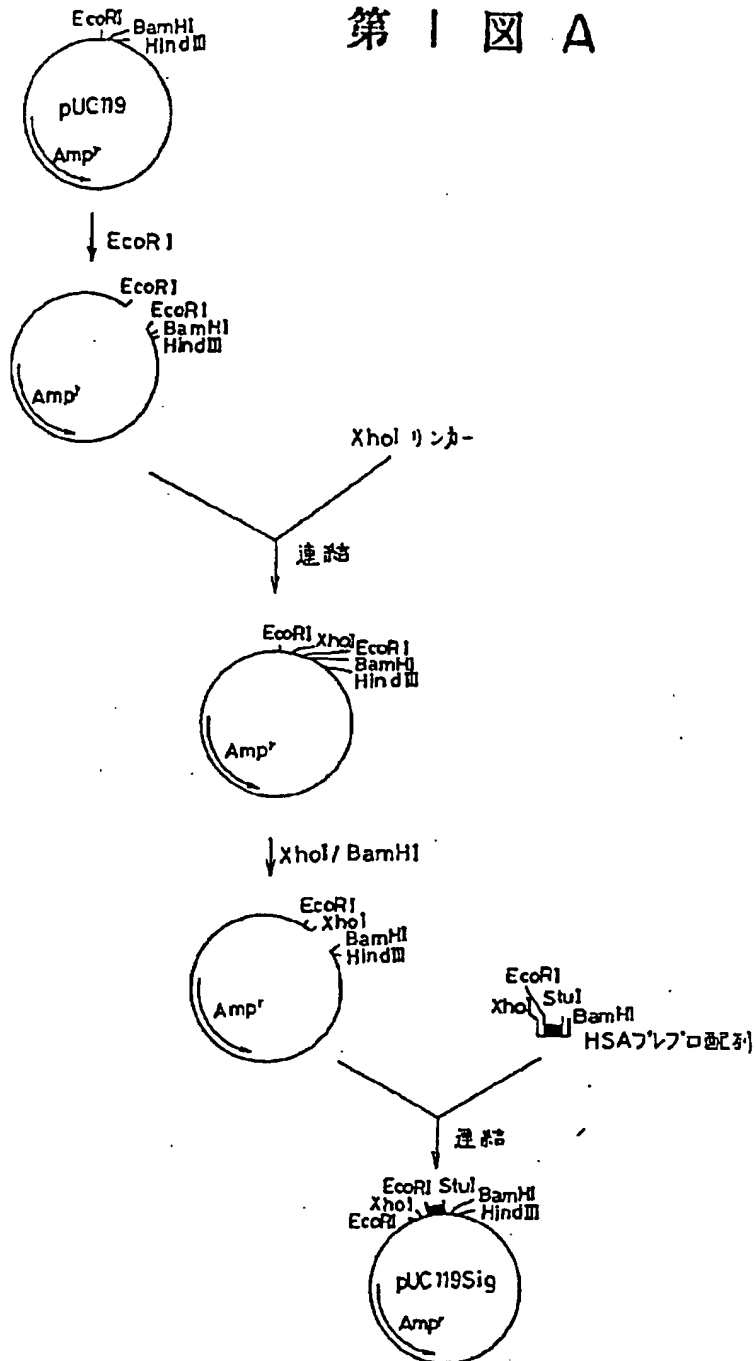


【図6】



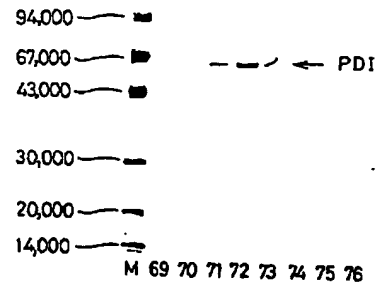
【図1】

第1図A



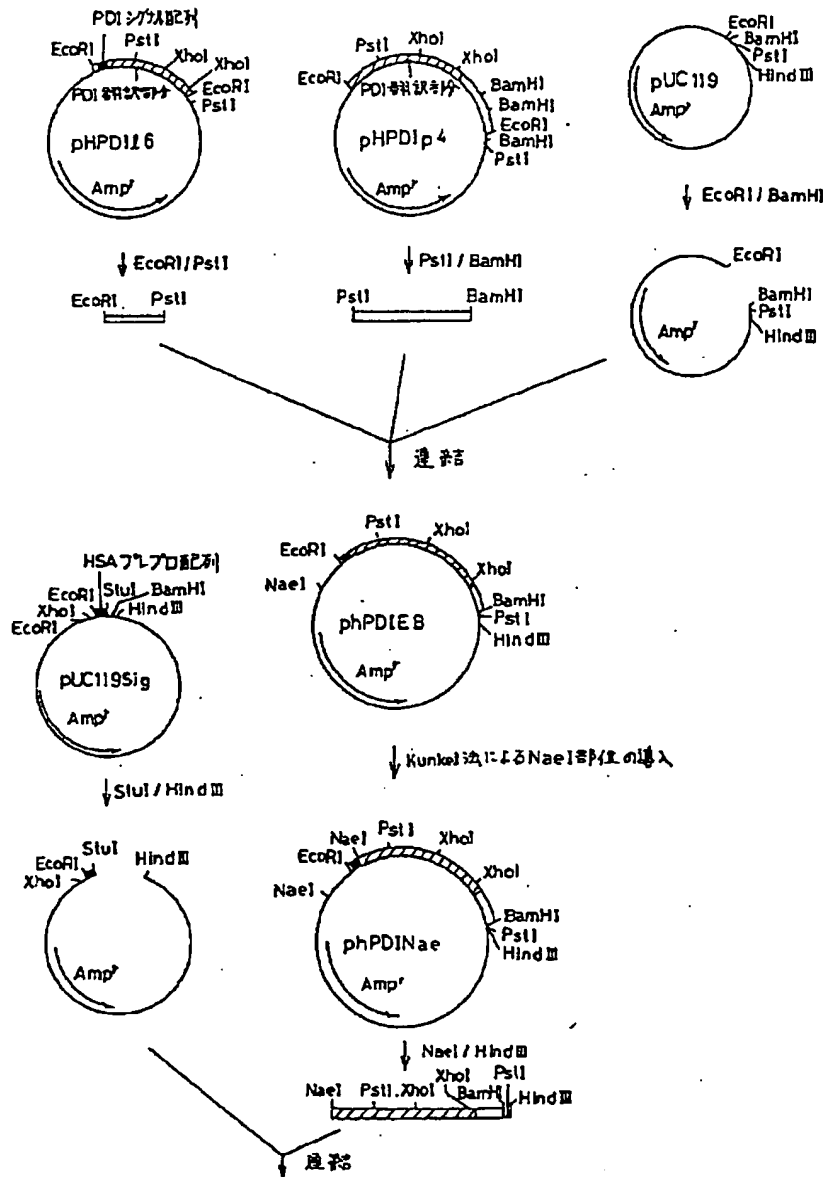
【図7】

第5図



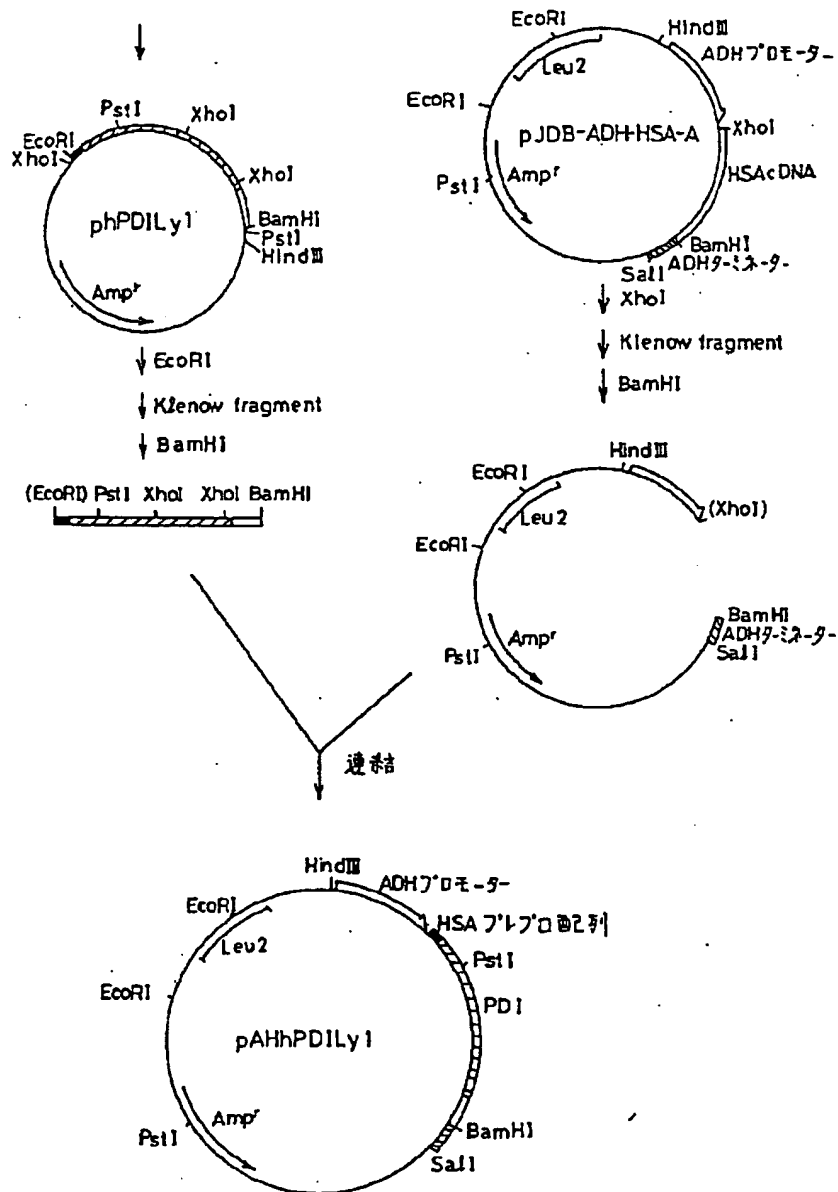
【図2】

第1図B

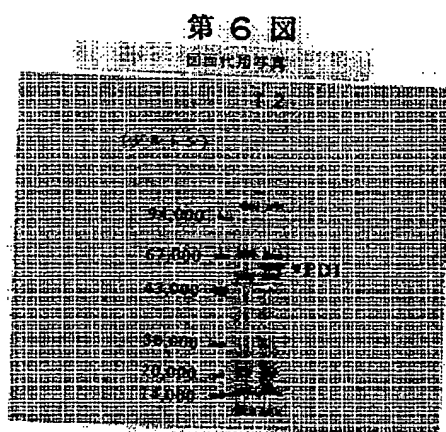


【図3】

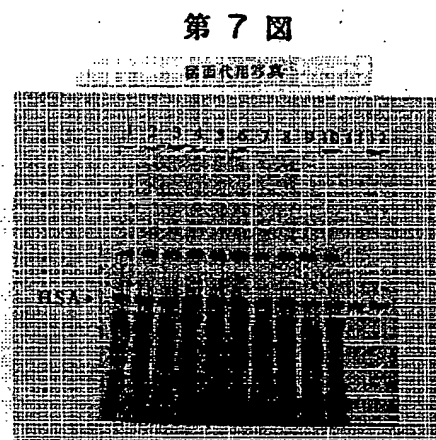
第1図C



【図8】

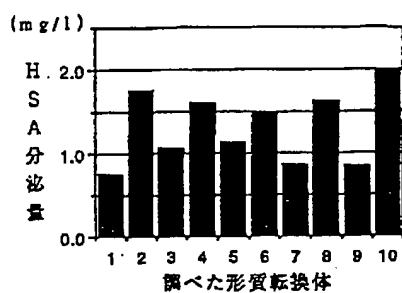


【図9】



【図10】

第8図



1, 3, 5, 7, 9: pAH/HIS23
2, 4, 6, 8, 10: pAHhPDILy1/HIS23

【手続補正書】

【提出日】平成5年3月2日

【手続補正1】

【補正対象書類名】明細書

【補正対象項目名】図面の簡単な説明

【補正方法】変更

【補正内容】

【図面の簡単な説明】

【図1A】 第1図Aは、発現プラスミドpAHhPDILy1の構築工程図を示す。

【図1B】 第1図Bは、発現プラスミドpAHhPDILy1の構築工程図を示す。

【図1C】 第1図Cは、発現プラスミドpAHhPDILy1の構築工程図を示す。

【図2】 第2図は、ヒト発現プラスミド上のHSAプレプロ配列とPDIの境界部を示す図である。

【図3】 第3図は、発現・分泌された粗組換えヒトPDIのSDS電気泳動結果を示す写真であり、ここでレーン1は分子量マーカー、レーン2はpAH/AH22（コントロール）、レーン3はpAHhPDILy1/A22を示す。

* 【図4】 第4図は、疎水性カラムクロマトグラフィーによる組換えヒトPDIの分離を示す図である。

【図5】 第5図は、精製組換えヒトPDIのSDS電気泳動結果を示す図であり、図面中、下側の数字は第4図に示す疎水性カラムクロマトグラフィーの分画番号を、またMは分子量マーカーを示す。

【図6】 第6図は、酵母HIS23におけるヒトPDIの発現を示す電気泳動写真である。

【図7】 第7図は、酵母HIS23におけるヒトPDIとHSAとの共発現によるHSA分泌を示すSDS電気泳動写真である。

【図8】 第8図は、第7図のSDS電気泳動ゲルを用いてHSA分泌量をデンストメーターで定量化した結果を示す図である。

【手続補正2】

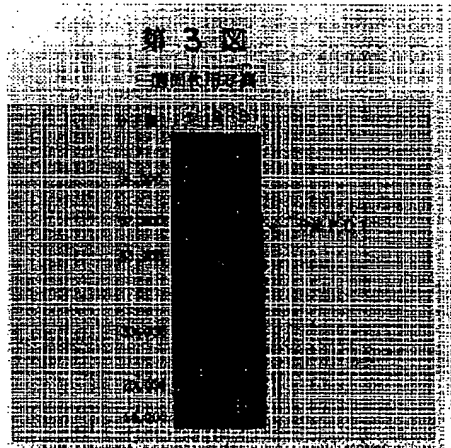
【補正対象書類名】図面

【補正対象項目名】全図

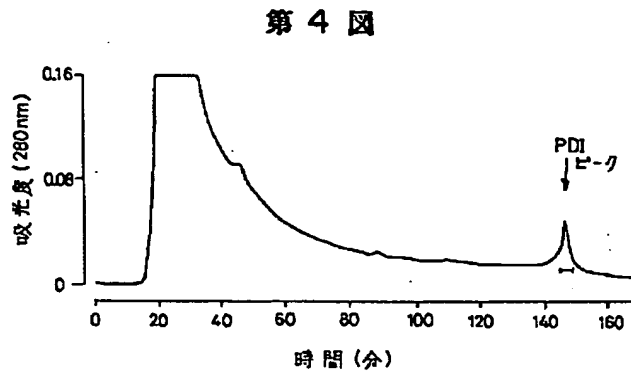
【補正方法】変更

【補正内容】

【図3】

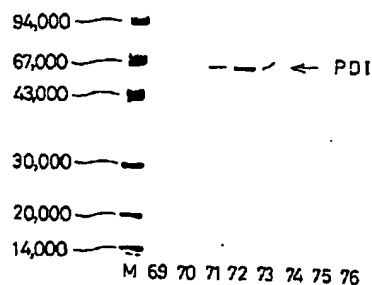


【図4】

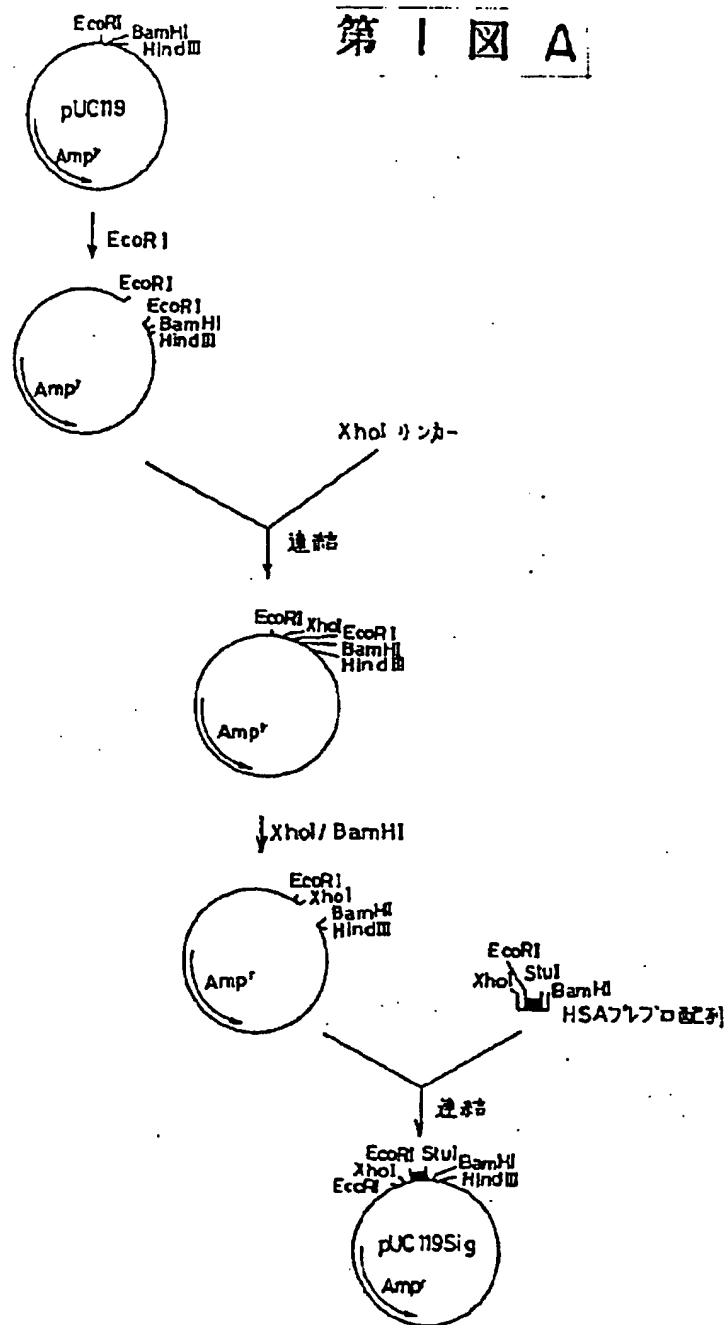


【図5】

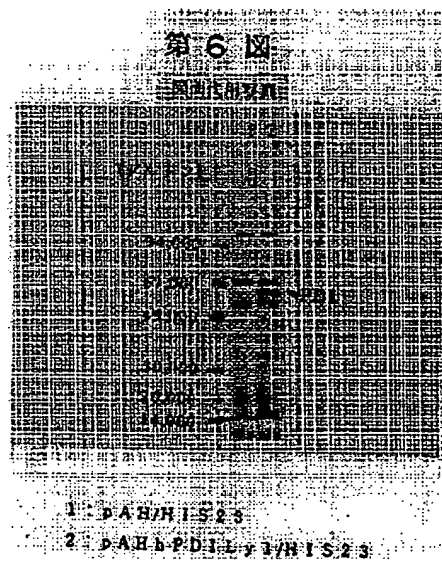
第5図



【図1A】

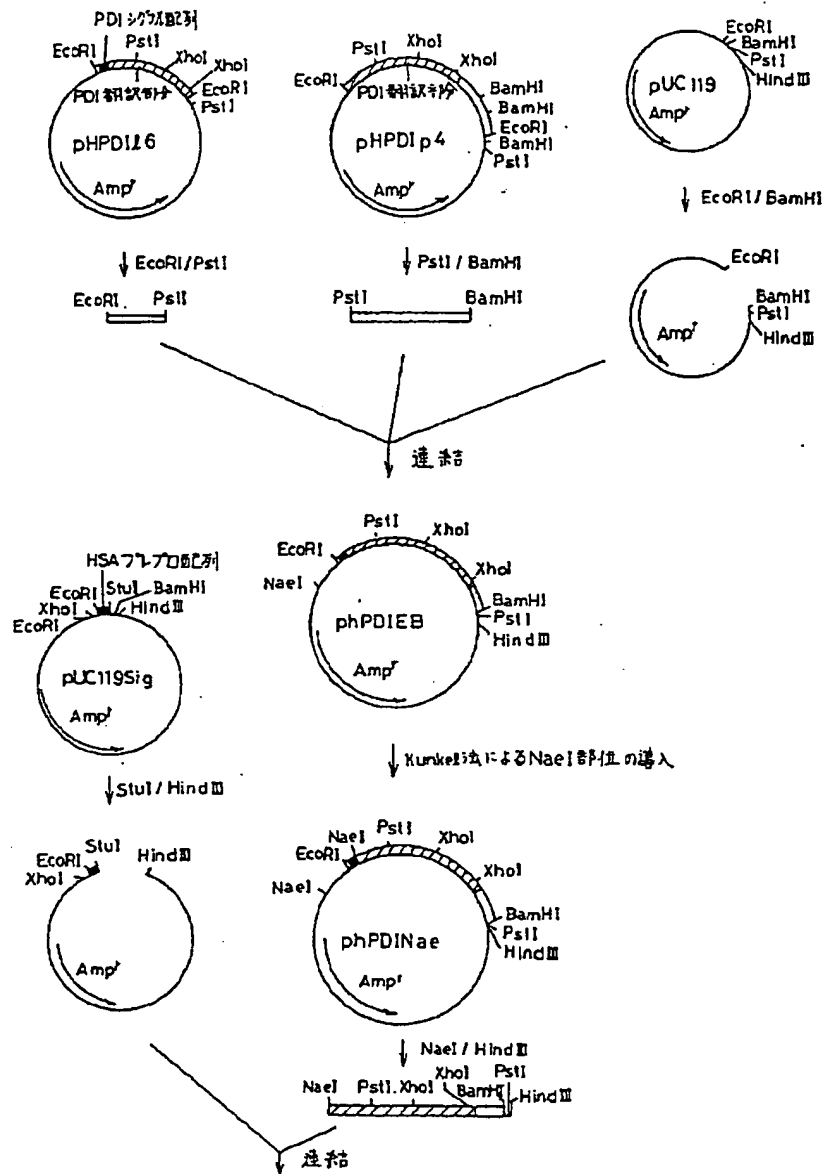


【図6】



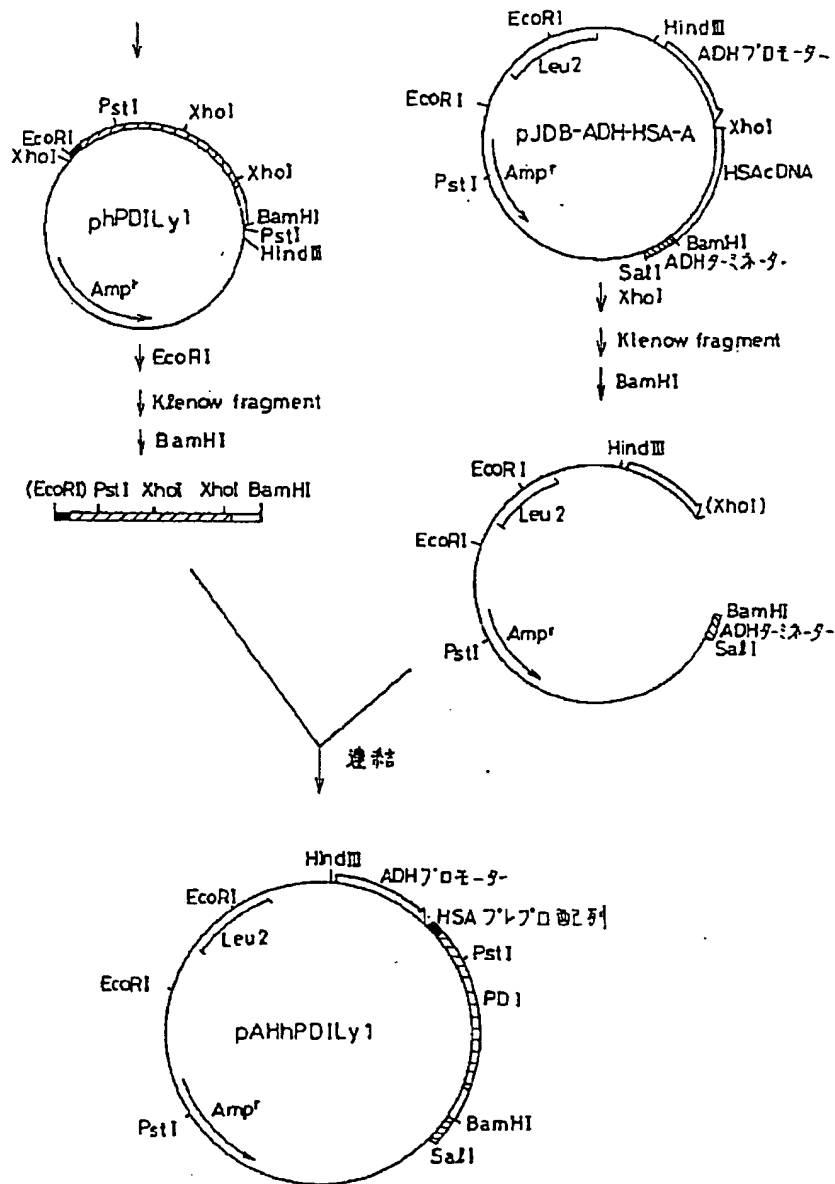
【図1B】

第1図B

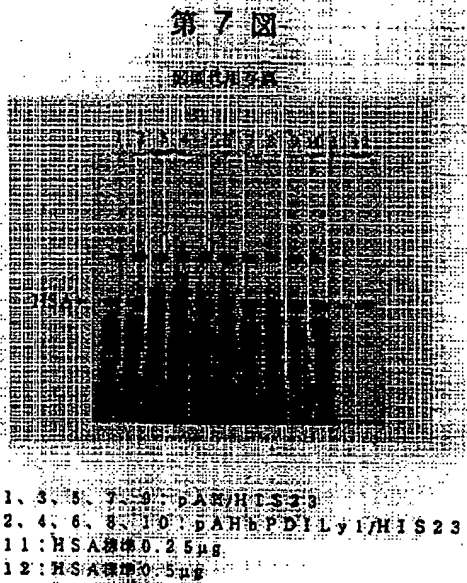


【図1C】

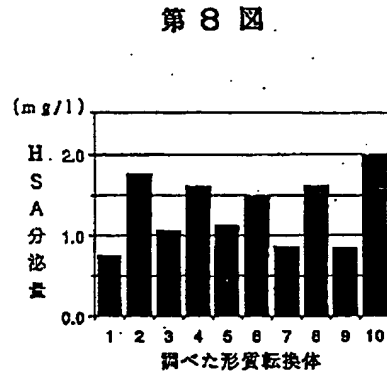
第 1 図 C



【図7】



【図8】



フロントページの続き

(51) Int. Cl. ⁵	識別記号	庁内整理番号	F I	技術表示箇所
C 1 2 N 15/12				
C 1 2 P 21/02		C 8214-4B		
// G 0 1 N 30/00		8310-2J		
(C 1 2 N 1/19				
C 1 2 R 1:865)				
(C 1 2 N 9/90				
C 1 2 R 1:865)				
(C 1 2 P 21/02				
C 1 2 R 1:865)				

(72)発明者 鈴木 正則
埼玉県入間郡大井町西鶴ヶ岡一丁目3番1
号 東燃株式会社総合研究所内

**This Page is Inserted by IFW Indexing and Scanning
Operations and is not part of the Official Record**

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images include but are not limited to the items checked:

- ☐ BLACK BORDERS
- ☐ IMAGE CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES
- ☒ FADED TEXT OR DRAWING
- ☒ BLURRED OR ILLEGIBLE TEXT OR DRAWING
- ☐ SKEWED/SLANTED IMAGES
- ☐ COLOR OR BLACK AND WHITE PHOTOGRAPHS
- ☐ GRAY SCALE DOCUMENTS
- ☐ LINES OR MARKS ON ORIGINAL DOCUMENT
- ☐ REFERENCE(S) OR EXHIBIT(S) SUBMITTED ARE POOR QUALITY
- ☐ OTHER: _____

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

As rescanning these documents will not correct the image problems checked, please do not report these problems to the IFW Image Problem Mailbox.